



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E
CONSERVAÇÃO

REFÚGIOS CLIMÁTICOS DE MAMÍFEROS MARINHOS

CECILIA SILVA DA ROCHA PITA DE ALMEIDA

São Cristóvão
2018

CECILIA SILVA DA ROCHA PITA DE ALMEIDA

REFÚGIOS CLIMÁTICOS DE MAMÍFEROS MARINHOS

Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Universidade Federal de Sergipe, como requisito exigido a obtenção do título de Mestre em Ecologia e Conservação.

Orientador: Prof. Dr. Pablo Ariel Martinez

São Cristóvão
2018

**FICHA CATALOGRÁFICA ELABORADA PELA BIBLIOTECA CENTRAL
UNIVERSIDADE FEDERAL DE SERGIPE**

A447r Almeida, Cecilia Silva da Rocha Pita de.
Refúgios climáticos de mamíferos marinhos / Cecilia Silva da Rocha Pita de Almeida; orientador Pablo Ariel Martinez. – São Cristóvão, 2018.
83 f.: il.

Dissertação (mestrado em Ecologia e Conservação)–
Universidade Federal de Sergipe, 2018.

1. Biogeografia. 2. Paleoclimatologia. I. Martinez, Pablo Ariel,
orient. II. Título.

CDU 574.9

TERMO DE APROVAÇÃO

REFÚGIOS CLIMÁTICOS DE MAMÍFEROS MARINHOS

por

CECÍLIA SILVA DA ROCHA PITA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da Universidade Federal de Sergipe, como parte dos requisitos exigidos para a obtenção do título de Mestre em Ecologia e Conservação.

APROVADA pela banca examinadora composta por



DR PABLO ARIEL MARTINEZ

Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação da
Universidade Federal de Sergipe



DR. GUILHERME GERHARDT MAZZOCHINI

Universidade Federal do Rio Grande do Norte



DR. ALEXANDRE LIPARINI CAMPOS

Universidade Federal de Sergipe

São Cristóvão/SE, 23 de fevereiro de 2018

AGRADECIMENTOS

Agradeço imensamente a oportunidade que tive de cursar este Mestrado, mesmo com altos e baixos momentos, conseguir trilhar essa maratona de dois anos. Devo isso a compreensão do Prof. e Chefe de departamento Sidney Feitosa Gouveia por me indicar um professor competente e disponível a me aceitar na sua equipe de pesquisa.

Agradeço muitíssimo este um ano que passei no PibiLab sob a orientação do Prof. Pablo que tão atencioso me acolheu no meu momento mais dramático. Toda a equipe de alunos que ele tem, pois também foram bem receptivos e compreensivos, dentre eles: Darlan, Mayane, Diene, Victor, Jennifer, Kathleen e Leo. Equipe maravilhosa que sabe o que quer e não perde oportunidade para trabalho. Serão lembrados sempre comigo em minha jornada profissional, inclusive nossos meetings mais diversos, uns a fantasia, outros picnic e etc. Turma legal essa, emoções para preparação de cardápio e decoração, bolos mais saborosos em cada encontro. Delícia ter passado esses dias com vocês.

Agradeço também ao Anderson Aires Eduardo, estudante de pós doc que durante as minhas análises no programa R me ajudou. Sem ele, nada teria chegado até aqui também. Agradeço ao companheirismo do prof. Alexandre Liparini por ser atenciosos e presente sempre.

Também agradeço pelo auxílio da Dr. Jennifer Morales-Barbero que nos ajudou durante algum tempo na coleta de dados.

Agradeço a oportunidade de auxílio financeiro que tive, pois isso valeu muito e permitiu minha dedicação e disposição para fazer o trabalho fluir, que foi possível por meio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq.

Agradeço pela torcida de meus pais e irmãos, e a todos da família que torciam por mim.

Agradeço também ao meu esposo Algacir que no início do nosso casamento foi o início do meu mestrado, alguns planos foram adiados e ele foi bem compreensivo. As coisas pareciam que não iam dar certo, e eram difíceis de serem conciliadas, mas olhando para trás vejo que tudo saiu bem.

E para finalizar, agradeço a Deus por conduzir minha vida e me conceder esta vitória que sem Ele, nada do que tenho seria possível. Ele é quem dá a vitória, mesmo antes da batalha travada.

Só tenho que agradecer por tudo isso. E torcer para que o doutorado venha.

RESUMO

Compreender como o clima têm moldado a distribuição das espécies ao longo do tempo evolutivo tem sido o ponto central dos estudos biogeográficos. Isso porque as alterações climáticas afetam a sobrevivência dos indivíduos e, conseqüentemente, interferem na estrutura da comunidade. Sabemos que as condições climáticas variaram ao longo do tempo e espaço, sendo necessário o surgimento de locais denominados de refúgios climáticos. Estes, por sua vez, serviram como abrigo e proteção das espécies por manter condições mais estáveis, permitindo a conservação e sobrevivência delas. No ambiente marinho, uma das mudanças climáticas mais marcante foi a última máxima glaciação (UMG, ~ 21.000-18.000 anos), o qual apresentou nível do mar mais baixo do que no presente. Assim, tivemos como objetivos: (i) identificar os refúgios climáticos marinhos onde existiu a coocorrência de um alto número de espécies em três períodos de tempo (presente: Oka, Holoceno médio a 6 ka e Pleistoceno a 21 ka); (ii) determinar quais fatores ecológicos e históricos caracterizam os refúgios. Baixamos dados de ocorrência de 110 espécies de mamíferos marinhos do GBIF e de artigos específicos afim de ser feita a modelagem de distribuição das espécies (MDE) por meio do algoritmo Maxent através do programa R v.3.2.2. Foram selecionadas quatro variáveis climáticas (média anual de salinidade na superfície do mar, média anual de temperatura na superfície do mar, amplitude anual de salinidade na superfície do mar e amplitude anual de temperatura na superfície do mar) que foram obtidas a partir do Modelo de Sistema Climático Comunitário (CCSM3). Os refúgios climáticos foram determinados como áreas que apresentaram riqueza de espécies acima do 90º percentil ao longo dos três intervalos de tempo. A localização desses refúgios foi observada em regiões temperadas acima das latitudes 30°, indicando que essas áreas apresentaram condições mais adequadas para a maioria das espécies. Os fatores ecológicos e históricos que determinaram os refúgios foram testados com Mann-Whitney, utilizando uma significância de $p < 0,05$. Os refúgios estiveram relacionados com os fatores: ecológico como alta produtividade ($p < 0,001$), históricos como alta profundidade ($p < 0,001$) e a presença de espécies com a maior média de tempo de divergência evolutiva ($p < 0,001$), significando que os refúgios abrigaram linhagem de espécies mais antigas do que as regiões de não refúgio. Para todos os fatores testados, foi obtida diferença significativa ($p < 0,005$). Além disso, os fatores, ecológico e históricos, serviram como bons preditores da riqueza de espécies no ambiente marinho. Vale destacar que esse trabalho é pioneiro em determinar refúgios para o ambiente marinho e em escala global, devendo ser mais explorado para outros táxons. Sugerimos que as áreas de refúgios identificadas aqui possam ser consideradas nas políticas de conservação das espécies de mamíferos marinhos pela capacidade que essas áreas têm de apresentar condições ambientais adequadas para manutenção das espécies. Em estudos futuros, sugerimos que sejam usados a MDE como ferramenta para a escolha de novas áreas potenciais para preservação considerando que as mudanças ambientais são frequentes.

Palavras-chave: Biogeografia, Ciclos glaciais, Modelos Paleoclimáticos, Pleistoceno tardio, Última Máxima Glaciação.

ABSTRACT

Understanding how climate has shaped distribution of species over evolutionary time has been central to biogeographic studies. It is mean that climate change affects the survival of individuals, and therefore interferes in the structure of the community. We know that climate change varied considerably over time and space, and it is necessary to subjugate places so-called climatic refuges. These refuges, in turn, served as a shelter and protection of species by maintaining more stable conditions for their conservation and survival. In the marine environmental, one of the most striking and no so far climatic changes was the last maximum glaciation (UMG, ~ 21,000-18,000 years), which had a lower sea level than at present. In this study, our objectives were: (i) to identify the marine climate refuges where there was co-occurrence of a high number of species in the three time periods (present: 0ka, 6 ka in middle Holocene and 21 ka in Pleistocene) in the marine environment; (ii) determine which ecological and historical factors characterize refuges. We obtained occurrence data for 110 species of marine mammals from the GBIF global repository and of specific articles to be constructed the species distribution models using the Maxent algorithm by program R 3.2.2. Four climatic variables were selected (annual mean sea surface salinity, annual mean sea surface temperature, annual range sea surface salinity and annual range sea surface temperature), which were obtained from the Model of Community Climate System, version 3 (CCSM3). The climatic refuges were determined as area that presented species richness above 90th percentile over the three time intervals. The location of these refuges was observed in temperate regions above latitudes 30°, indicating that these areas presented conditions more suitable for most species. The ecological and historical factors that determined the refuges were tested with Mann-Whitney, using a significance of $p < 0.05$. These refuges were related to ecological factors such as high productivity ($p < 0.001$) and historical as high depth ($p < 0.001$) and the presence of species with the highest mean evolutionary divergence time ($p < 0.001$), meaning that the refuges harbored lineage of species older than non-refuge regions. Our results show a significant difference between the variables tested ($p < 0.05$). Moreover, ecological and historical factors served as good predictors of species richness in the marine environment. It is noteworthy that this work is a pioneer in determining refuges for the marine environment and on a global scale, and should be more explored for other taxa. We suggest that the refuge identified here can be considered in the conservation policies of marine mammal species due to the ability of these areas to present suitability environmental conditions for species maintenance. In future studies, we suggest that MDE be used as a useful tool for choosing new potential areas for preservation considering that environmental changes are frequent.

Keywords: Biogeography, Glacial cycles, Paleoclimatic models, Late Pleistocene, Last Glacial Maximum.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	VII
LISTA DE TABELAS	VIII
RESUMO DO ARTIGO	9
1. INTRODUÇÃO	11
2. GRUPO DE ESTUDO: MAMÍFEROS MARINHOS	16
3. MATERIAIS E MÉTODOS	17
3.1 Coleta de dados	17
3.2 Modelo de Distribuição de espécies	17
3.3 Delimitação de refúgios	20
3.4 Teste de hipótese para os fatores ecológicos e históricos	21
4. RESULTADOS	22
5. DISCUSSÃO	25
6. CONCLUSÃO	29
7. AGRADECIMENTOS	30
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	31
APÊNDICES	39

LISTA DE FIGURAS

Figura 1: Localização dos refúgios climáticos globais a partir da riqueza de espécies de mamíferos marinhos obtidos do MDE (baseado no Maxent) _____ 22

Figura 2: Riqueza de mamíferos marinhos que formam refúgios climáticos _____ 23

Figura 3: Comparação dos fatores ecológicos (produtividade) e históricos (profundidade e tempo de divergência evolutiva) entre áreas identificadas como refúgio e não refúgio _____ 24

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Lista das variáveis ambientais presente no banco de dados Marspec _____ 19

PLEISTOCENE CLIMATE REFUGES FOR MARINE MAMMALS

Cecília Silva da Rocha Pita de Almeida¹, Anderson Aires Eduardo², Jennifer Barbero-Morales³, Mayane Alves Andrade¹, Diene Oliveira Santos¹, Pablo Ariel Martinez¹,

1-Laboratory of Integrative Research in Biodiversity (Pibi), Federal University of Sergipe, Marechal Rondon Avenue, São Cristóvão, Sergipe.

2- Postgraduate Program in Geosciences and Basin Analyzes, Federal University of Sergipe, Marechal Rondon Avenue, São Cristóvão, Sergipe.

3- Unit of Ecology, Faculty of Biology, University of Salamanca, Salamanca, E-37007, Spain.

Correspondence:

Cecília Silva da Rocha Pita de Almeida; e-mail: ceciliapita22@gmail.com

Abstract

Aim Climate change affects the survival and growth of individuals, which consequently interferes with the distribution of species. These climatic changes varied over time and space, necessitating the emergence of so-called climatic refuges that could house and maintain more stable conditions for species survival. Among the most striking and no so far events we had the last maximum glaciation (LGM, ~ 21,000-18,000 years), which had a lower sea level than at present and affected considerably the marine environment and its fauna. In this study we had as objectives: (i) to identify the marine climate refuges where there was cooccurrence of a high number of species in the three time periods (present: 0ka, 6 ka in middle Holocene and 21 ka in Pleistocene); (ii) determine which ecological and historical factors characterize refuges.

Location Global marine environment.

Methods We identified the marine climate refuges where co-occurrence of a high number of species occurred in the three different time (present, 6 ka and 21 ka) and also

determined which ecological and historical factors characterize the refuges. We obtained occurrence data for 110 species of marine mammals through the GBIF global repository and constructed species distribution models in the Maxent software through program R (v. 3.2.2). Four climatic variables were selected (annual mean sea surface salinity, annual sea surface salinity amplitude, annual mean sea surface temperature and annual sea surface temperature amplitude), which were obtained from the Model of Community Climate System, version 3 (CCSM3) available on the PMIP2 (Paleoclimate Modeling Intercomparison Project - <http://www.marspec.org/>) database. The climatic refuges corresponded to the areas that presented high species richness over the three time intervals, that is, areas that presented 10% of data with greater species richness. The ecological and historical factors that determined the refuges were tested with Mann-Whitney, using a significance of $p < 0.05$.

Results The refuges were related to ecological factors such as high productivity ($p < 0.001$) and historical as high depth ($p < 0.001$) and the presence of species with a longer time of evolutionary divergence ($p < 0.001$), indicating that refuges housed more ancient species. Our results show a significant difference between the variables tested ($p < 0.05$), demonstrating that refuges may have provided adequate habitat conditions for the species over time.

Main conclusions Refuges were located at latitudes above 30° where temperate climate predominated, indicating that these areas presented climates more suitable for most species.

Keywords: Biogeography, Glacial cycles, Paleoclimatic models, Late Pleistocene, Last Glacial Maximum.

Artigo a ser submetido à revista Journal of Biogeography

1. INTRODUÇÃO

Compreender a distribuição das espécies é um tema fundamental nos estudos ecológicos e evolutivos (Pearson, 2002; Elith et al. 2006). Existe consenso de que os fatores ecológicos e históricos influenciam a riqueza e distribuição das espécies. Diferenciamos os estudos dos fatores ecológicos por focarem nos grupos funcionais dos organismos e nas condições ambientais (temperatura, salinidade, umidade entre outros) relacionadas à distribuição espacial das espécies no tempo presente. Por outro lado, os estudos dos fatores históricos concentram-se no efeito de eventos biogeográficos, tais como os períodos glaciais e interglaciais sobre grupos taxonômicos superiores (Wiens & Donoghue, 2004; Crisci et al., 2006; Monge-Nájera, 2008). Ambas abordagens, ecológica e histórica, tentam compreender os padrões de distribuição das espécies, bem como os gradientes de diversidade (Wiens & Donoghue, 2004; Mittelbach et al. 2007; Roy & Goldberg, 2007; Graham et al. 2010; Tittensor et al. 2010; Ricklefs & Jenkins, 2011; McClain & Schlacher, 2015; Rabosky & Hurlbert, 2015).

O padrão mais evidente na natureza refere-se às distribuições de espécies em diferentes latitudes, pois observamos que existe uma diminuição da riqueza de espécies à medida que nos afastamos dos trópicos. Essa distribuição dos organismos na natureza é determinada pelos fatores: (i) características intrínsecas (ex. vagilidade, comportamento reprodutivo, tolerância fisiológica, tamanho corporal) (Wiens & Donoghue, 2004; Smith & Lyons, 2011); (ii) interações bióticas (ex. competição e predação) (Wisz et al. 2013); (iii) condições ambientais (ex. temperatura, precipitação, produtividade) (Allen et al. 2002; Monge-Nájera, 2008; Brown, 2014; Wisz et al. 2013) e (iv) processos históricos, tais como tectônicas de placas, deriva continental, glaciação, especiação, dispersão entre outros (Wiens & Donoghue, 2004; Crisp et al. 2011).

Frente aos diversos fatores que podem afetar a distribuição das espécies, o clima é um dos mais determinantes (Hutchinson, 1957; Pearson & Dawson, 2003; Wiens & Graham, 2005). A definição de nicho grinelliano considera que um conjunto de condições climáticas são responsáveis por delimitar e determinar onde uma espécie habita (Grinel, 1917, 1924). Dessa forma, o conhecimento sobre o clima permite compreender como as espécies estão distribuídas e quais os locais mais adequados para cada espécie habitar. Além disso, as espécies apresentam níveis de tolerância climática diferentes (Hällfors et al. 2016) e reagem de modo singular às variações que as afetam, tanto espacial quanto

temporalmente (Wisn et al. 2013). As mudanças climáticas influenciam na distribuição das espécies, afetando as espécies em particular, bem como as interações entre elas (Araújo & Luoto, 2007; Heikkinen et al. 2007 Gilman et al. 2010). Consequentemente, interferem na amplitude geográfica e modificam a estrutura e dinâmica das comunidades (Gilman et al. 2010). Neste sentido, os efeitos ocasionados pelas mudanças do clima sobre as diferentes espécies serão dependentes da velocidade e intensidade das mudanças climáticas (Sandel et al. 2011). Caso haja uma rápida mudança climática num determinado local, a sobrevivência irá depender de seu potencial de migração e/ou adaptação (Aitken et al. 2008). Devemos considerar que as mudanças climáticas são caracterizadas como fenômenos frequentes e cíclicos que acompanham a história da Terra ao longo dos milhões de anos.

O Pleistoceno (~2,6 milhões até 10 mil de anos atrás) foi acompanhando de sucessivos eventos de interglaciações e glaciações em que 75% do tempo prevaleceram eras glaciais (Leite, 2015) existindo uma clara alternância de eventos climáticos, frios e quentes (Lawing & Polly, 2011). A última máxima glaciação (UMG, ~ 21.000-18.000 anos ou 21 e 18 ka) foi um dos eventos mais marcantes, pois foi caracterizada por climas frios e secos em regiões continentais em todo o mundo (Braconnot et al. 2007) afetando consideravelmente a distribuição da biota. Dessa forma, a glaciação promoveu grandes mudanças: (i) cobertura da maior parte do hemisfério norte por gelo (Waltari et al. 2007); (ii) recuo do nível do mar em relação ao nível presente (Voris, 2000); (iii) diminuição da temperatura entre 4 a 8° C (Petit et al. 1999) e (iv) as zonas climáticas mudaram em latitude bem como em altitude, mudando também a temperatura, precipitação, circulação atmosférica e oceânica (Clark et al. 1999; Petit et al. 1999; Brown & Lomolino, 2006).

As mudanças climáticas sucessivas durante os períodos glaciais e interglaciais mais recentes forçaram algumas espécies a sofrerem migrações para locais climaticamente estáveis, conhecidos como refúgios (Aitken et al. 2008; Médail & Diadema, 2009; Gavin et al. 2014). Quando as mudanças climáticas eram rápidas e intensas, muitas vezes, as espécies não conseguiam adaptar-se ou migrar para regiões de refúgios climáticos, por isso, acabavam sendo extintas (Magri & Palombo, 2013). Dessa forma, os refúgios climáticos serviram como locais onde os organismos buscaram abrigo diante de condições ambientais adversas, favorecendo assim a sua persistência e sobrevivência (Briscoe et al. 2016). Um dos trabalhos pioneiros foi o realizado por Haffer (1969) ao observar as alterações climáticas durante o Pleistoceno, levando-o a elaboração

da chamada Hipótese de Refúgio do Pleistoceno (PRH). A PRH explica o efeito das mudanças climáticas nos processos de especiação e foi proposta originalmente para a região Amazônica, a fim de explicar a diversidade biológica das populações de aves da bacia amazônica. Posteriormente, diversos estudos demonstraram a existência de refúgios climáticos na Europa, Mediterrâneo e norte da Sibéria (Lister & Stuart, 2008; Tzedakis et al. 2013; Morales-Barbero, 2017), Sul da Europa (Willis et al. 2000; Petit et al. 2003; Nägele & Hausdorf, 2015), Antártida (Bennett et al. 2016), África (Boxnick et al. 2015) e América do Norte (Waltari et al. 2007; Gugger et al. 2010) entre outros.

Os primeiros trabalhos sobre refúgios no ecossistema marinho eram definidos como locais onde um maior número de espécies se abrigavam. Para Brock (1979), os refúgios eram habitats tridimensionais que influenciavam na estrutura de uma comunidade, enquanto Everett e Ruiz (1993) afirmaram que esses locais serviam para proteção contra predadores em virtude da ausência de uma estrutura física alternativa. Assim, as definições iniciais de refúgio não levavam em consideração as mudanças climáticas ao longo do tempo geológico (ver Kohn & Leviten, 1976; Woodin, 1978; Leber, 1985). A disponibilidade recente de dados paleoclimáticos marinhos (Sbrocco, 2014) nos permitem analisar os refúgios sob uma perspectiva integradora, levando em consideração os efeitos paleoclimáticos sobre a distribuição das espécies e a estrutura das comunidades.

Infelizmente, a análise de refúgios marinhos tem sido fragmentada a poucos táxons ou regiões geográficas restritas. Um dos trabalhos pioneiros de refúgios marinhos (Vermeij, 1993) permitiu estimar espécies que foram extintas desde o fim do Pleistoceno e definir áreas que serviram como refúgios geográficos. Os refúgios foram caracterizados por apresentar uma alta produtividade planctônica primária, estando localizados no noroeste do Atlântico temperado e norte do Pacífico. Alguns espécimes de mamíferos marinhos registradas no trabalho foram o peixe-boi de Steller (*Hydrodamalis gigas*), a foca monástica caribenha (*Monachus tropicalis*), a lontra do mar (*Enhydra lutris*) e a baleia-cinza (*Eschrichtius robustus*). Por outro lado, Stanley e colaboradores (1996) identificaram refúgios marinhos por meio de estudos genéticos para uma espécie de mamífero, a foca comum (*Phoca vitulina*). Os refúgios pretéritos foram identificados em locais onde os gelos polares durante a UMG isolaram as populações dos oceanos Atlântico e Pacífico. Outras regiões que foram reconhecidas por atuarem como refúgios marinhos foram a Indonésia Oriental, Malásia e Filipinas, sendo consideradas o epicentro

da biodiversidade e evolução de peixes marinhos costeiros (Carpenter & Springer, 2005). Elas puderam servir como refúgio por apresentarem o mais extenso habitat marinho tropical, vários tipos de habitats, relativa estabilidade da temperatura do mar durante a glaciação (Randall, 1998), além de extensa água profunda, enquanto para as espécies de águas rasas, a glaciação acabou servindo como barreira à dispersão (Randall, 1998). Assim, a formação de refúgios será dependente das características ambientais que o ecossistema marinho apresenta.

Dada a importância dos refúgios para preservação e proteção das espécies, no presente trabalho utilizamos modelos de distribuição de espécies para estimar as áreas potencialmente habitáveis na atualidade, e realizamos projeções pretéritas (6 mil e 21 mil anos) de 110 espécies de mamíferos marinhos. Definimos como refúgios climáticos aqueles locais que mantiveram uma alta riqueza de espécies ao longo do tempo (Morales-Barbero et al. 2017). Em seguida, analisamos se existem características ecológicas e/ou históricas que identificam os refúgios. Para isso, testamos as seguintes hipóteses não excludentes: (i) *Hipótese de produtividade*, que assume que as áreas com maior produtividade puderam abrigar um maior número de espécies (Cox & Moore, 2011; Sammarco et al. 2017), como acontece por exemplo com os recifes de corais (Roberts & Ormond, 1987; Komyakova et al. 2013; Newman et al. 2015). Neste caso, esperamos encontrar refúgios em regiões mais produtivas; (ii) *Hipótese de estabilidade* assume que as regiões mais estáveis abrigam um maior número de espécies neotônicas ao longo do tempo. Consideramos as regiões profundas (>120m) como locais que foram mais estáveis ao longo do tempo, isso por que a 21 mil anos as regiões costeiras atuais não estavam disponíveis devido à glaciação que provocou o recuo do nível do mar em relação ao tempo presente; (iii) *Hipótese de tempo de divergência* reconhece que os refúgios apresentaram linhagens de espécies mais antigas devido ao fato de que essas regiões tiveram mais tempo para acumular espécies e assim, puderam favorecer a diversificação (Carpenter & Springer, 2005; Morales-Barbero et al. 2017). Portanto, é provável que as áreas de refúgios abrigaram mais espécies de linhagens antigas do que espécies de linhagens mais novas.

Afim de entender como ocorreu a distribuição das espécies, nosso trabalho tem como objetivos: (i) identificar os refúgios climáticos para os mamíferos marinhos onde existiu a coocorrência de um alto número de espécies nos três períodos de tempo

(presente: 0, 6 mil e 21 mil anos) a partir da modelagem de distribuição de espécies (MDE); (ii) definir quais áreas apresentam alta riqueza de espécies ao longo dos últimos 21.000 anos; (iii) determinar quais fatores ecológicos e históricos caracterizam os refúgios.

2. GRUPO DE ESTUDO: MAMÍFEROS MARINHOS

A fauna marinha é bem diversificada devido aos diversos fatores ecológicos e históricos que atuam sobre ela. Apresenta representantes de todos os filos animais, dentre eles, os mamíferos. Os mamíferos marinhos se destacam por desempenhar importante papel ecológico no ecossistema marinho, pois servem como indicadores da saúde dos oceanos (Wells et al. 2004). Eles apresentam ampla distribuição geográfica (com uma média de 52 milhões de km², Pompa et al. 2011) pela sua alta vagilidade, além de ocuparem todas as latitudes. Esses mamíferos dispõem de grande quantidade de informação sobre a sua distribuição geográfica, suas relações filogenéticas (ver: Uhen, 2007; Foote et al. 2015), suas características ecológicas e de história de vida. Os mamíferos marinhos correspondem a três linhagens independentes: Pinnipedia pertencentes a Ordem Carnivora, Ordem Cetacea formados pelos Mysticeti e Odontoceti, e Ordem Sirenia (Jefferson et al. 1994), totalizando ~120 espécies existentes (Pompa et al. 2011; Zhou et al. 2015).

Os pinípedes são os únicos membros aquáticos da ordem Carnivora, compreende três famílias: Otariidae formado pelos leões marinhos e focas de ouvido, Odobenidae (morsas) e Phocidae (focas verdadeiras e elefante-marinho) (Jefferson et al. 1994). Mais de um quarto da diversidade de mamíferos marinhos são compostas pelos pinípedes, sendo registrado a presença desses animais desde o final do Oligoceno (Berta et al. 2006), cerca de 27 milhões de anos atrás. Já os Cetáceos surgiram no Eoceno há ~54 milhões de anos atrás, apresentando relação evolutiva com os mamíferos ungulados (Berta et al, 2006). A ordem Sirenia é formada pelos peixes-boi que inclui duas famílias viventes: Trichechidae (manatins ou peixes-boi, com 3 espécies viventes) que habitam regiões tropicais, e o Dugongidae (dugongos) com uma espécie vivente na região Indo-Pacífica. Os Sirênios tiveram registro fóssil desde o início do Eoceno há 50 milhões de anos até o presente, são os únicos mamíferos marinhos a serem estritamente herbívoros (Jefferson et al. 1994; Berta et al. 2006).

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1 Coleta de dados

Pontos de ocorrência foram obtidos para um total de 110 espécies de mamíferos marinhos (~ 90 % das espécies existentes) a partir da base de dados de GBIF (GBIF, <http://www.gbif.org/>) e literatura especializada. Todos esses pontos foram avaliados, revisados e filtrados, usando como referência a base de dados da IUCN red list como referência a fim de evitar erros de amostragem. As 110 espécies utilizadas estão divididas em 30 espécies da Ordem Pinnipedia, 76 espécies da Ordem Cetácea e apenas 4 espécies da Ordem Sirênia. O conjunto de dados de cada uma das 110 espécies apresentam no mínimo 10 pontos de ocorrência sendo recomendável para se obter uma previsão confiável (Stockwell & Peterson, 2002; Fitzpatrick & Ellison, 2018, p. 395).

3.2 Modelo de Distribuição de espécies

Para cada espécie, individualmente, construímos modelos de distribuição de espécies (MDE) para obter as suas distribuições potenciais atuais e em seguida, realizar projeções para os cenários climáticos de 6 mil e 21 mil anos (Apêndice A - Script usado para fazer a modelagem). Os MDE foram implementados no software Maxent (Phillips et al. 2006) por meio da plataforma R (v.3.2.2, R Development Core Team, 2011). O Maxent consiste em um algoritmo baseado na entropia máxima, que estima a distribuição geográfica potencial das espécies, baseando-se na correlação entre pontos de ocorrência e ausência e as variáveis ambientais na área de estudos. Como dados de ausência não estão disponíveis, pontos de fundo (*background points*) foram empregados como pseudo-ausências. Baseado no conhecimento empregado por outros autores (e.g. Morales-Barbero et al. 2017), nós empregamos 1.000 pontos aleatoriamente distribuídos para toda a região de estudo que neste trabalho foram os oceanos do mundo todo.

A avaliação da acurácia dos modelos executados pelo software Maxent foram feitos por validação cruzada (*cross-validation*). Essa avaliação consiste nas etapas de calibração e validação que são adotadas como requisitos fundamentais em trabalhos de modelagem, pois se verifica a qualidade e confiabilidade do modelo. A calibração

consiste no agrupamento de 70% dos dados, enquanto os outros 30% dos dados são utilizados para validação, sendo esse procedimento replicado 10 vezes (calibração/validação). Para evitar o sobreajuste dos modelos, foram utilizados apenas funções (*features*) lineares e quadráticas.

O índice de AUC (área sob a curva, do inglês “Receiver Operating Characteristic Curve” ou curva ROC) foi calculado pelo Maxent a fim de avaliar a especificidade (ausência de erro de comissão) e a sensibilidade (ausência de erro de omissão) de um teste de diagnóstico que foi utilizado (Fielding & Bell, 1997; Muñoz & Felicísimo, 2004). A AUC fornece uma medida do desempenho do modelo, apresentando valores entre 0 e 1, onde valores de $AUC > 0,75$ indicam um bom desempenho (Pliscoff & Fuentes-Castillo, 2011).

Foi baixado um total de 18 variáveis ambientais (Tabela 1) do banco de dados Marspec (<http://www.marspec.org>; Sbrocco, 2014) a fim de parametrizar o modelo para as seguintes três janelas de tempo: Presente (0 anos), Holoceno Médio (HM, 6 Ka) e o Último Glacial Máximo (UGM, 21 Ka). A resolução utilizada foi de 5 arc-min (células de $\sim 10 \times 10$ km na região do Equador) pelo Modelo de Sistema Climático Comunitário, versão 3 (CCSM3) desenvolvido pelo Projeto de Intercomparação de Modelagem Paleoclimática, fase 2 (PMIP2). Foi feita uma análise de correlação entre as variáveis, de modo a ser selecionada as variáveis biologicamente mais informativas, assim, selecionamos aquelas que tiveram uma correlação de $r < 0,8$ (Apêndice A - Script do R para selecionar as variáveis). Após a correlação das variáveis climáticas, foram selecionadas apenas quatro delas: média anual da salinidade na superfície do mar, amplitude anual da salinidade na superfície do mar, média anual da temperatura na superfície do mar e amplitude anual da temperatura na superfície do mar, em seguida, construímos os modelos de distribuição das espécies.

Tabela 1: Lista das variáveis ambientais presente no banco de dados Marspec.

Nome da variável	Definição
Batimetria	Profundidade do fundo do mar (metros)
Biogeo01	Aspecto Leste/Oeste (radianos)
Biogeo02	Aspecto Norte/Sul (radianos)
Biogeo03	Plano de curvatura
Biogeo04	Perfil de curvatura
Biogeo05	Distância da plataforma (km)
Biogeo06	Batimetria de curva (graus)
Biogeo07	Concavidade (graus)
Biogeo08	Média anual de salinidade na superfície do mar (psu)
Biogeo09	Salinidade na superfície do mar (psu) do mês mais fresco
Biogeo10	Salinidade na superfície do mar (psu) do mês mais salgado
Biogeo11	Amplitude anual da salinidade na superfície do mar (psu)
Biogeo12	Variância anual da salinidade na superfície do mar (psu)
Biogeo13	Média anual de temperatura na superfície do mar (°C)
Biogeo14	Temperatura na superfície do mar (°C) do mês mais frio
Biogeo15	Temperatura na superfície do mar (°C) do mês mais quente
Biogeo16	Amplitude anual da temperatura na superfície do mar (°C)
Biogeo17	Variância anual da temperatura na superfície do mar (°C)

Considerando que certas espécies de mamíferos marinhos encontram-se restritas a uma determinada latitude, e essa característica pode levar a uma projeção em latitudes

as quais a espécie não ocupa, precisávamos inicialmente demarcar a distribuição da espécie apenas no hemisfério onde elas realmente habitam. Uma vez que condições climáticas relacionadas à temperatura tendem a ser mais similares entre as regiões polares do que entre estas e o equador, o procedimento adotado evitou que a extrapolação das condições adequadas no hemisfério oposto influenciasse a riqueza de espécies projetada para as latitudes mais elevadas (Apêndice A - Script do R para limitar as espécies com distribuição restrita). O mesmo tratamento foi feito para espécies que são restritas a uma determinada região, como as espécies: *Arctocephalus galapagoensis* restritas às ilhas de Galápagos (entre 9°N-3°S, 80-90°W), e a espécie *Trichechus senegalensis* que são endêmicas de estuários do Oeste Africano.

3.3 Delimitação de refúgios

O Maxent criou mapas de adequabilidade que apresentam dados com valores contínuos, sendo necessário sua transformação em mapas binários (Apêndice A - Script do R para gerar os mapas binários) através do uso de valores de limiares (*thresholds*) os quais foram gerados a partir de análises estatísticas (maximiza especificidade + sensibilidade), sendo único para cada espécie e proveniente das informações sobre os pontos de ocorrência conhecidos.

Os mapas binários (1 presença, 0 ausência) foram gerados de modo a representar as células com potencialidade favorável de ter presença ou não-favorável (ausência) das espécies. Foi feito um mapa binário para cada espécie e para cada janela de tempo: presente (0), 6 ka e 21 ka. Em seguida, a partir dos mapas binários foi gerado os mapas de riqueza de espécies pela identificação das áreas que apresentavam alta riqueza. Neste trabalho, definimos como áreas de alta riqueza aquelas com número de espécies acima do 90º percentil. Estas áreas de alta riqueza foram obtidas após a sobreposição dos mapas binários de todas as espécies, formando, assim, um mapa de riqueza para cada período de tempo, presente (0), 6 ka e 21 ka (Apêndice A - Script do R para plotar os mapas de riqueza).

Na etapa seguinte, foi feita a sobreposição dos três mapas de alta riqueza de espécies, sendo um para cada período de tempo que resultou no mapa dos refúgios climáticos (Apêndice A - Script do R para identificar as áreas de refúgios). Assim, do

ponto de vista ecológico, os refúgios foram caracterizados como aquelas áreas que aparentemente apresentaram condições ambientais adequadas para muitas das espécies modeladas ao longo do tempo.

3.4 Teste de hipótese para os fatores ecológicos e históricos

Foram determinados três fatores para caracterizar os refúgios, um ecológico e dois históricos, por meio das seguintes hipóteses: de produtividade, de estabilidade avaliada pelo fator histórico profundidade e de tempo de divergência evolutiva, obtida pelo cálculo da média do tempo de divergência de todas as espécies que eram encontradas na mesma célula do mapa de distribuição das espécies (Apêndice A – Script do R com os gráficos referentes aos fatores analisados).

Os dados de profundidade e produtividade de todos os oceanos foram adquiridos do banco de dados AquaMaps (<http://www.aquamaps.org/>). O Tempo de divergência evolutiva foi obtido a partir da árvore filogenética descrita por Rolland et al. (2014) para os mamíferos, de modo a fornecer as idades de divergência de todas as espécies analisadas.

Utilizou-se o teste não paramétrico de Mann-Whitney (assumindo $\alpha=0.05$) para avaliar se os refúgios climáticos estão associados aos fatores ecológicos e/ou históricos. Sendo que as variáveis preditoras foram: profundidade, produtividade e tempo de divergência evolutiva, enquanto a presença ou ausência de refúgio nossa variável de resposta (Apêndice A - Script do R para realizar o teste estatístico).

4. RESULTADOS

Para o tempo presente, o mapa de riqueza de espécies demonstrou uma maior concentração de riqueza de espécies localizadas nas zonas temperadas, região leste do Pacífico e sul da Oceânia (0 ka, Fig. 1a). Em contraste, pouca riqueza foi encontrada no lado leste do Atlântico Norte bem como no Mediterrâneo. A riqueza para o tempo 6 Ka se diferenciou nitidamente pela pouca riqueza identificada na latitude sul, mais especificamente no sul da África e Austrália, enquanto a maior riqueza foi obtida no Atlântico norte e oeste do Pacífico (Fig. 1b). Para o tempo 21 ka, a maior riqueza de espécies esteve localizada ao sul do leste do Pacífico do que em outros períodos, áreas com baixa riqueza foram observadas ao sul da África e regiões costeiras da América (Fig. 1c), como consequência do severo clima continental e grande extensão de camadas de gelo sobre a Terra a 21 ka, concentrando as distribuições das espécies mais para partes profundas e oceânicas, como observado nas costas norte e sul do Atlântico.

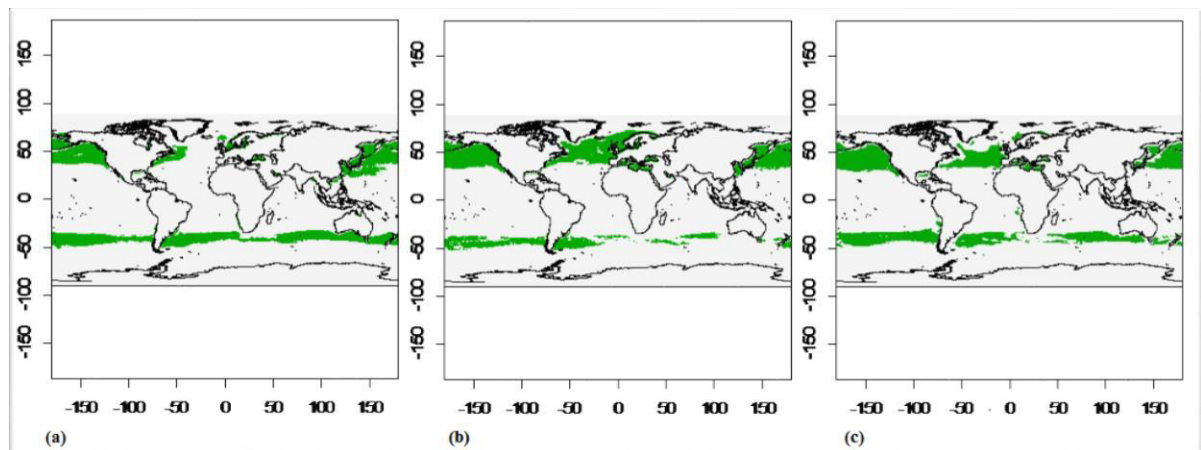


Figura 1: Localização dos refúgios climáticos globais a partir da riqueza de espécies de mamíferos marinhos obtidas do MDE (baseado no Maxent) para (a) tempo presente, 0 ka; (b) 6 ka, Holoceno Médio, (c) 21 ka, Última Máxima Glaciação. Área colorida de verde indica locais com alta probabilidade de apresentar habitat adequado para as espécies. Tamanho das células: 100 x 100 km.

Os refúgios climáticos foram obtidos pela sobreposição espacial dos locais que permitiram a acumulação de riqueza acima do 90º percentil nos três intervalos de tempo. Eles estiveram localizados predominantemente em latitudes acima de 30° tanto ao norte como ao sul, cobrindo regiões de clima temperado e também no Mar Negro, além de cobrir grande parte das regiões costeiras (Fig. 2).

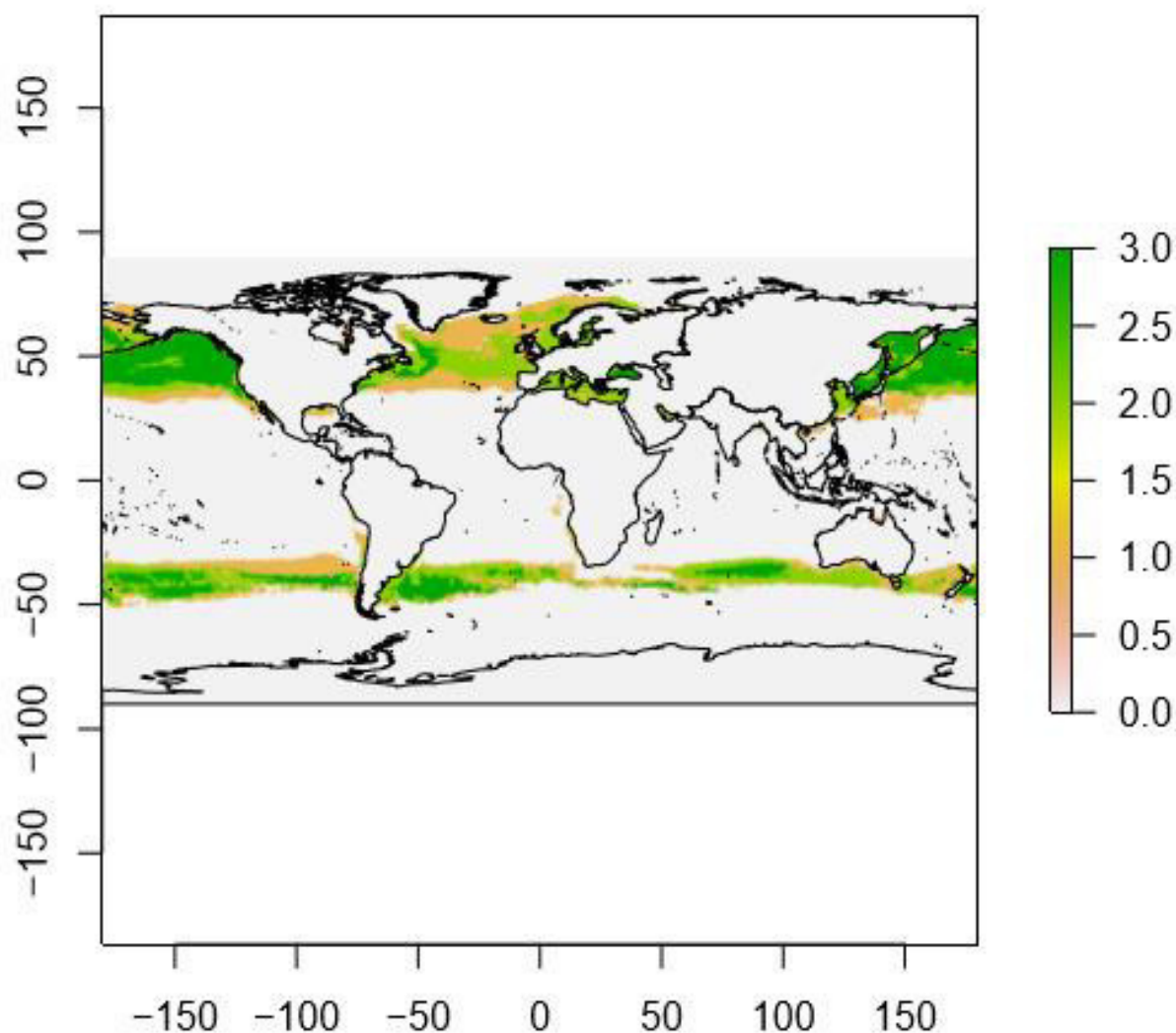


Figura 2: Refúgios climáticos de mamíferos marinhos estimado a partir da riqueza de espécies. Áreas de cor verde escura indicam locais com alta probabilidade de apresentar habitat adequado para as espécies nos três períodos de tempo (0Ka, 6 ka e 21 ka), cor quente e verde clara indicam locais com probabilidade de apresentar habitat adequado em um ou dois períodos de tempo, respectivamente. Tamanho das células: 100 x 100 km.

As análises dos fatores ecológicos e históricos demonstraram que os refúgios hospedaram assembléias de espécies que mostraram estar localizadas em regiões mais profundas (Fig. 3a), com alta produtividade (Fig. 3b) e onde houve a presença de linhagens mais antigas (Fig. 3c). Em resumo, os resultados encontrados confirmam nossas hipóteses propostas. A análise estatística demonstrou diferença significativa ($p < 0,0001$, teste U de Mann-Whitney) para cada um dos fatores entre as áreas de refúgio e de não refúgio.

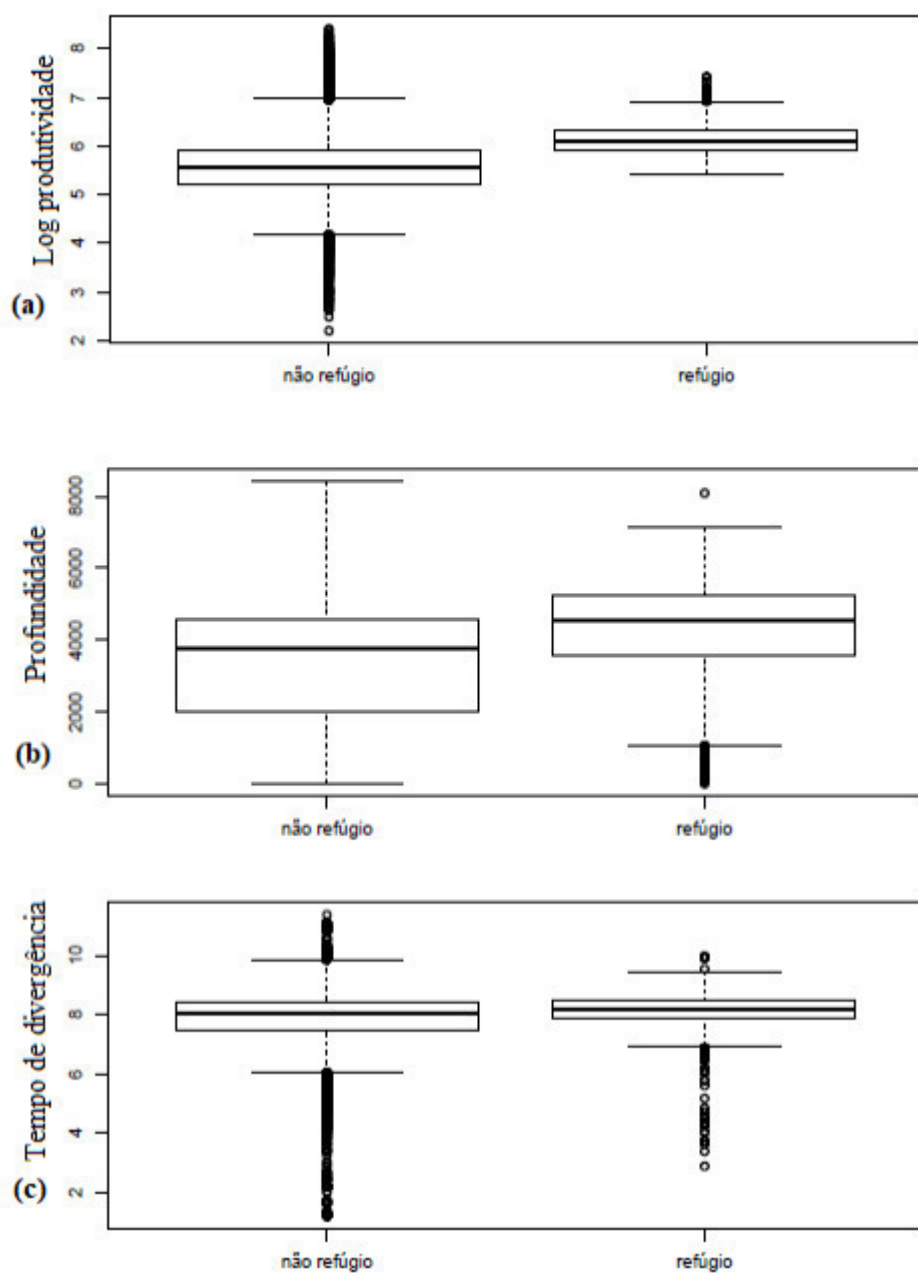


Figura 3: Comparação dos fatores a) ecológico: produtividade (valor logaritimizado); b) histórico relacionado à profundidade; e c) histórico relacionado ao tempo de divergência evolutiva entre áreas identificadas como refúgio e não refúgio, Boxplots executados no algoritmo do Maxent. Caixas com 10° a 90° percentil e a linha no meio corresponde a mediana. Critério usado para demarcar refúgio climático (para os três intervalos de tempo) mostrou diferença significativa ($p < 0,0001$) por meio do teste de Mann-Whitney para os três fatores analisados.

5. DISCUSSÃO

A abordagem utilizada neste trabalho permitiu identificar alguns dos fatores responsáveis pela manutenção de uma alta riqueza de espécies ao longo do tempo, sendo um trabalho pioneiro a nível global que determinou refúgios climáticos marinhos.

A primeira hipótese testada foi de produtividade. Nessa hipótese, espera-se encontrar refúgios em áreas que apresentam uma maior produtividade (Roberts & Ormond, 1987; Cox & Moore, 2011; Komyakova et al. 2013), assim, regiões mais produtivas podem abrigar uma maior riqueza de espécies (refúgios). As relações entre riqueza de espécies e produtividade dependem, algumas vezes, do táxon e da escala geográfica adotada (por exemplo, regional ou continental) (Mittelbach et al. 2001) ou do tipo de ambiente analisado. Esses podem ser divididos em ambientes terrestres e marinhos, sendo que a produtividade terrestre é maior na altura dos trópicos (Brown, 2014), enquanto nos mares, não. Em experimentos conduzidos com plantas, a produtividade permitiu uma melhor partição de recursos e diferenciação de nicho, além de promover uma maior diversidade de espécies (McKane et al. 2002). Consequentemente, uma melhor utilização dos recursos torna uma comunidade mais eficiente (Lemieux & Cusson, 2014).

Sabe-se que a produtividade primária atua como um bom preditor de riqueza de espécies (Ceballos & Ehrlich, 2006; Rabosky & Hurlbert, 2015), mas essas relações nem sempre serão causais, e sim o resultado de colinearidade com outras variáveis tais como: temperatura, substrato, área, correntes, luz e nutrientes (Monge-Nájera, 2008; Rabosky & Hurlbert, 2015). A combinação das variáveis: temperatura, produtividade e sazonalidade influenciam a dinâmica evolutiva (Fraser & Currie, 1996). Além disso, a produtividade também é resultado da interação com o habitat complexo e diversidade de produtores (Lemieux & Cusson, 2014). Em alguns ecossistemas, a produtividade aumenta como consequência do aumento do número de espécies que interagem troficamente em uma comunidade ecológica (Johnson et al. 1996). Em estuários, que cobrem grandes extensões globais, foi verificado que a riqueza de espécies aumenta com a produtividade primária (Vasconcelos et al. 2015). Em uma comunidade de intermaré subártica, foi observado que a diminuição da abundância de macroalgas provocou impacto negativo sobre a produtividade (Lemieux & Cusson, 2014). Em estudos experimentais sobre

ecossistemas marinhos conduzidos por Worm et al. (2006), a produtividade aumentou quatro vezes em momentos que a diversidade foi restaurada, demonstrando ligações positivas robustas entre biodiversidade, produtividade e também com a estabilidade. Em regiões muito profundas do mar, observa-se que as altas diversidades são promovidas pela estabilidade (térmica) e pelos recursos tróficos (produtividade), demonstrando a relação direta entre produtividade, riqueza e/ou diversidade (Johnson et al. 1996; MacClain & Schlacher, 2015; Valentine & Jablonski, 2015), concordando com os nossos resultados para mamíferos marinhos.

Em nossa segunda hipótese, observamos que locais mais profundos apresentaram melhores condições para a formação de refúgios climáticos, ou seja, maior riqueza de espécies do que as áreas mais rasas. Essa diferenciação existe por que as regiões litorâneas e mais rasas de hoje (~120m) não estiveram disponíveis durante os períodos glaciais, a 21ka durante o Pleistoceno (Sbrocco, 2014; Ludt & Rocha, 2015) como observado em nossos resultados (Fig. 1c). Assim, locais que foram menos perturbados ao longo do tempo, tendem a abrigar mais espécies e formar refúgios, portanto, são mais estáveis quando comparado com locais que foram mais expostos durante algum tempo. Dessa forma, qualquer porção de terra debaixo de uma geleira que acaba de recuar apresentará uma riqueza muito menor do que uma porção de terra que nunca teve uma geleira.

A hipótese de estabilidade explica, de modo geral, as diferenças de diversidade observadas em diferentes condições ambientais (Johnson, 1970), por exemplo, áreas de refúgios e não refúgio. Nossos achados equivalem ao que Gallardo e colaboradores (2015) denominaram de hipótese de *estabilidade temporal* de Thienemann-Sanders, em que prevê que o habitat mais antigo e mais estável (regiões profundas em nosso estudo) apresentará maior riqueza e diversidade de espécies. Nota-se que a estabilidade temporal muda à medida que a diversidade aumenta (Lehman & Tilman, 2000). Isso significa que a estabilidade é afetada pela composição de espécies bem como pela diversidade biológica que ocupa um determinado ecossistema (Johnson et al. 1996; Lehman & Tilman, 2000; Lanta et al. 2012). Alguns trabalhos que utilizaram a hipótese de estabilidade foi: Hessler e Sanders (1967) para explicar a riqueza bentônica de regiões profundas e Johnson (1970) que estudou a diversidade de espécies em comunidades marinhas bênticas em pequena escala. O primeiro artigo aponta que a grande diversidade (no fundo do mar) é melhor explicada como resultado da grande estabilidade desse ambiente físico (Hessler

& Sanders, 1967). Já Johnson (1970) reconheceu que mudanças no ecossistema estudado afetam a estabilidade, sendo menor a estabilidade em águas rasas e maiores em águas mais profundas, concordando com nossos achados os quais observamos que os ambientes mais estáveis foram em regiões mais profundas. Em experimentos conduzidos sobre a diversidade marinha demonstrou que ela se relaciona diretamente com a estabilidade (Worm et al. 2006).

A estabilidade não se restringi somente ao tempo e ambiente, também consideramos a estabilidade climática, pois esta a longo prazo (refúgios), apresenta papel central quanto a manutenção das espécies no ambiente (Terribile et al. 2012). Esta estabilidade climática é considerada um bom preditor de riqueza (Werneck et al. 2012) e demonstra que regiões climaticamente estáveis permitem a evolução de especializações e adaptações mais finas do que as áreas com regimes climáticos mais erráticos, devido à relativa constância dos recursos (ver Pianka, 1966). Sendo assim, as áreas com condições climáticas estáveis em relação ao UMG puderam demonstrar o quanto que a estabilidade climática é importante no estabelecimento de refúgios e, conseqüentemente, nos padrões atuais de diversidade (Morales-Barbero et al. 2017).

Por outro lado, regiões mais profundas ocupam uma maior área, o que demonstra mais habitat disponível (Barboza & Defeo, 2015; Chaudhary et al. 2016) do que áreas mais rasas. A disponibilidade de habitat combinada com os fatores como a alta produtividade primária foi reconhecida como importante preditor da biodiversidade (Tittensor et al. 2010). Regiões mais profundas podem suportar populações maiores, o que reduz a probabilidade de extinção de espécies e apoia uma maior diversidade de espécies especialistas (Willig, Kaufman & Stevens, 2003; Tittensor et al. 2010). Assim, em nossos resultados, as áreas profundas puderam abrigar uma maior riqueza de mamíferos marinhos, corroborando com a hipótese de estabilidade.

A hipótese tempo de divergência foi testada de modo a verificar se as regiões de refúgios puderam abrigar linhagens de espécies antigas. O tempo de divergência evolutiva é definido como o tempo em que uma linhagem divergiu do seu grupo-irmão, isto é, da linhagem que inclui os parentes vivos mais próximos (Crisp & Cook, 2011). O tempo de divergência é dependente das taxas de surgimento, extinção e preservação estimadas a partir do registro fóssil (Foote et al. 1999). Esta estimativa de tempo de divergência filogenética é considerada como componente importante de muitos estudos

evolutivos moleculares (Ho & Phillips, 2009). O tempo de divergência das espécies de mamíferos marinhos permitiu a identificação dos refúgios climáticos, desse modo, essas áreas podem ser reconhecidas como centro de especiação e endemismo, funcionando como “berçários” da diversificação (Morales-Barbero et al. 2017). É possível que as regiões colonizadas inicialmente sejam geralmente mais ricas do que as regiões recentemente colonizadas (Rodrigues et al. 2017). Consequentemente, as regiões de refúgios por terem uma história de vida mais antiga, acabam favorecendo a diversificação (Carpenter & Springer, 2005; Morales-Barbero et al. 2017).

O estudo sobre as distribuições das espécies desde os períodos glaciais até os dias atuais tem um importante papel na compreensão dos processos de diversificação das espécies, e logicamente, da biodiversidade. As taxas de especiação (ou extinção) podem variar sistematicamente em regiões geográficas (Rabosky & Hurlber, 2015). Isso por que qualquer variação nas idades dos clados entre as regiões diminuirá a relação entre a taxa de diversificação e a riqueza. Muitos autores argumentam que centros de riqueza de espécies são também centros evolutivos onde novas espécies evoluem e a partir do qual eles se expandem para áreas marginais (Gray, 2001). Além disso, as comunidades tendem a se diversificar no tempo e que as comunidades mais velhas, portanto, têm mais espécies do que as mais jovens (Pianka, 1966). Em nossos achados, para o ambiente marinho global, a relação entre maior riqueza e tempo de divergência indicou que as espécies de linhagens mais antigas estiveram predominantemente localizadas em áreas de refúgio do que áreas de não refúgio.

A determinação de áreas que serviram como refúgios pretéritos tem grande importância para os estudos ecológicos e evolutivos. Notamos que esses refúgios serviram para abrigar uma maior riqueza de espécies, e foram compostos por predominância de linhagens mais antigas, dessa forma, fornece-nos informações para compreensão dos processos evolutivos. Outra característica dessas áreas de refúgios é que elas demonstraram estarem localizadas em áreas com condições ambientais mais estáveis e com maior produtividade, o que permite a escolha dessas áreas como potenciais para conservação das espécies. Consequentemente, devemos considerar os refúgios como locais adequados para a priorização espacial, ou seja, adequados para a preservação das espécies que encontram-se sujeitas às constantes e intensas mudanças climáticas e também ameaçadas pelas ações antrópicas no ambiente marinho.

6. CONCLUSÃO

Vale destacar que nosso estudo é o primeiro em que se localiza, em ampla escala geográfica e temporal, a existência de refúgios climáticos no ambiente marinho. Assim, pudemos fornecer suporte para a importância dos processos ecológicos (produtividade) e históricos (profundidade e tempo de divergência) na elaboração dos padrões de biodiversidade dos mamíferos marinhos. Diferentemente do ambiente terrestre que apresenta um aumento na riqueza a medida que se aproxima dos trópicos, o ambiente marinho apresenta um padrão diferenciado bem como é influenciado pela interação entre diferentes variáveis. Uma dessas variáveis é a produtividade que tem maiores valores em latitudes altas, permitindo que essas áreas servissem como abrigo para um maior número de espécies ao longo dos últimos 21ka. Outras variáveis que caracterizaram os refúgios foram: a maior profundidade indicada por locais que apresentaram maior estabilidade ao longo do tempo, e o tempo de divergência evolutiva que abrigou mais linhagens de espécies antigas. Essas regiões puderam hospedar espécies durante mudanças climáticas extrema (glaciação) e a partir daí com a melhoria das condições climáticas as espécies puderam expandir seus limites e se diversificarem. As sucessivas e drásticas mudanças climáticas podem ameaçar a biodiversidade marinha, por isso, deve-se pensar nas áreas de refúgios como áreas potenciais para conservação das espécies bem como para preservação dos locais que serviram para acumular processos históricos-evolutivos.

7. AGRADECIMENTOS

Agradecemos à Capes pela concessão de bolsa de mestrado à aluna, ao Programa de Pós-graduação em Ecologia e Conservação da Universidade Federal de Sergipe e pela parceria com a Dr. Jennifer Morales-Barbero.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AITKEN, S. N. Et al. Adaptation, migration or extirpation: climate change outcomes for tree populations. **Evolutionary Applications**, v. 1, n. 1, p. 95-111. 2008.

ALLEN, A. P.; BROWN, J. H.; GILLOOLY, J. F. Global biodiversity, biochemical kinetics, and the energetic-equivalence rule. **Science**, v. 297, p. 1545–1548. 2002.

ARAÚJO, M. B.; LUOTO, M. The importance of biotic interactions for modelling species distributions under climate change. **Global Ecology and Biogeography**, v. 16, p. 743-753. 2007.

BARBOZA, F. R.; DEFEO, O. Global diversity patterns in sandy beach macrofauna: a biogeographic analysis. **Scientific Reports**, v. 5, n. 14515. 2015.

BENNETT, K. R. Et al. High levels of intraspecific genetic divergences revealed for Antarctic springtails: evidence for small-scale isolation during Pleistocene glaciation. The Linnean Society of London, **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 119, n. 1, p. 166-178. 2016.

BOXNICK, A. Et al. Diversity patterns of the terrestrial snail fauna of Nyungwe Forest National Park (Rwanda), a Pleistocene refugium in the heart of Africa. The Linnean Society of London, **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 114, p. 363–375. 2015.

BRACONNOT, P. Et al. Results of PMIP2 coupled simulations of the mid-Holocene and Last Glacial Maximum - part 1: experiments and large-scale features. **Clim. Past**, v. 3, p. 261-277. 2007.

BRISCOE, NATALIE J. Et al. Unpacking the mechanisms captured by a correlative species distribution model to improve predictions of climate refugia. **Global Change Biology**, v. 22, n. 7, p. 2425-2439. 2016.

BROCK, R. E. An experimental study on the effects of grazing by parrotfishes and role of refuges in benthic community structure. **Marine Biology**, v. 51, n. 4, p. 381-388. 1979.

BROWN, J. H.; LOMOLINO, M. V. Biogeografia. FUNPEC-Editora, Ribeirão Preto-SP, 691p. 2 ed. 2006.

BROWN, J. H. Why are there so many species in the tropics? **Journal of Biogeography**, v. 41, n. 1, p. 8-22, jan. 2014.

CARDILLO, MARCEL. Et al. Multiple Causes of High Extinction Risk in Large Mammal Species. **Science**, v. 309, n. 5738, p. 1239-1241. Ago/2005.

CARPENTER, K. E.; SPRINGER, V. G. The center of the center of marine shore fish biodiversity: the Philippine Islands. **Environmental Biology of Fishes**, v. 72, n. 4, p. 467-480. 2005.

CEBALLOS, GERARDO; EHRLICH, PAUL. Global mammal distributions, biodiversity hotspots, and conservation. **PNAS**, v. 103, n. 51, p. 19374-19379. 2006.

CHAUDHARY, C.; SAEEDI, H.; COSTELLO, M. J. Bimodality of Latitudinal Gradients in Marine Species Richness. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 31, n. 9, p. 670-676. Sep. 2016.

CLARK, P. U.; ALLEY, R. B.; POLLARD, D. Northern Hemisphere Ice-Sheet Influences on Global Climate Change. **Science**, v. 286, n. 5442, p. 1104-1111. 1999.

COMMITO, J. A.; RUSIGNUOLO, B. R. Structural complexity in mussel beds: the fractal geometry of surface topography. **Journal of Experimental Marine Biology and Ecology**, v. 255, p. 133–152. 2000.

COX, C. B.; MOORE, P. D. Biogeografia: uma abordagem ecológica e evolucionária. LTC, Rio de Janeiro, 398 p. 7 ed. 2011.

CRISCI, J. V.; SALA, O. E.; KATINAS, L.; POSADAS, P. Bridging historical and ecological approaches in biogeography. **Australian Systematic Botany**, v. 19, p. 1–10. 2006.

CRISP, M. D.; COOK, L. G. Cenozoic extinctions account for the low diversity of extant gymnosperms compared with angiosperms. **New Phytologist**, v/ 192, n. 4, p. 997-1009. Dec. 2011.

ELITH, J. Et al. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. **Ecography Pattern and Process in Ecology**, v. 29, n. 2, p. 129-151. 2006.

EVERETT, R. A.; RUIZ, G. M. Coarse woody debris as a refuge from predation in aquatic communities. **Oecologia**, v. 93, n. 4, p. 475–486. 1993.

FIELDING, A. H.; BELL, J. F. A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. **Environ. Conserv.** v. 24, p. 38–49. 1997.

FITZPATRICK, M. C.; ELLISON, A. M. Estimating the exposure of carnivorous plants to rapid climatic change. In: ELLISON, A.; ADAMEC, L., eds. **Carnivorous Plants: Physiology, ecology, and evolution**. 1.ed. 544p. Oxford: Oxford University Press, 2018. Cap. 28, p. 389-407.

FOOTE, M.; HUNTER, J. P.; JANIS, C. M.; , SEPKOSKI JR, J. J. Evolutionary and Preservational Constraints on Origins of Biologic Groups: Divergence Times of Eutherian Mammals. **Science**, v. 26, p. 1310-1314. Feb 1999.

FRASER, R. H.; CURRIE, D. J. The species richness-energy hypothesis in a system where historical factors are thought to prevail: coral reefs. **America Naturalist**, v. 148, p. 138–154. 1996

GALLARDO, V. A.; FONSECA, A.; ESPINOZA, C.; RUIZ-TAGLE, N.; MUSLEH, S. Bacteria of the Humboldt sulfuretum comply with unifying macroecological principles. **Marine Biodiversity**, v. 46, p. 399-406. 2015.

GAVIN, D. G. Et al. Climate refugia: joint inference from fossil records, species distribution models and phylogeography. **New Phytologist**, 2014. doi: 10.1111/nph.12929.

GILMAN, S. E. Et al. A framework for community interactions under climate change. **Trends in Ecology and Evolution**, v. 25 n. 6. 2010.

GRAHAM, C. H.; VANDERWAL, J.; PHILLIPS, S. J.; MORITZ, C.; WILLIAMS, S. E. Dynamic refugia and species persistence: tracking spatial shifts in habitat through time. **Ecography - pattern and process in ecology**, v. 33, n. 6, p. 1062-1069. 2010.

GRAY, JOHN S. Marine diversity: the paradigms in patterns of species richness examined. **Scientia Marina**, v. 65, n. 2, p. 41-56. 2001.

GUGGER, P. F. Et al. Phylogeography of Douglas-fir based on mitochondrial and chloroplast DNA sequences: testing hypotheses from the fossil record. **Molecular Ecology**, v. 19, p. 1877–1897. 2010.

HAFFER, J. Speciation in Amazon forest birds. **Science**, v. 165, p. 131-137. 1969.

HÄLLFORS, MARIA HELENA. Et al. Addressing potential local adaptation in species distribution models: implications for conservation under climate change. **Ecological Applications – Ecological Society of America**, v. 26, n. 4, p. 1154-1169. 2016.

HEIKKINEN, R. K. Biotic interactions improve prediction of boreal bird distributions at macro-scales. **Global Ecology and Biogeography**, v. 16, n. 6, p. 754-763. 2007.

HESSLER, R. R.; SANDERS, H. L. Faunal diversity in the deep-sea. **Deep Sea Research and Oceanographic Abstracts**, v. 14, n. 1, p. 65-70. 2000.

HO, S. Y. W.; PHILLIPS, M. J. Accounting for Calibration Uncertainty in Phylogenetic Estimation of Evolutionary Divergence Times, **Systematic Biology**, v. 58, n. 3, p. 367–380. Jun. 2009.

JEFFERSON, T. A.; LEATHERWOOD, S.; WEBBER, M. A. FAO species identification guide. **Marine mammals of the world**, Rome, FAO, 320 p. 587 figs. 1994.

JOHNSON, K. H.; VOGT, K. A.; CLARK, H J.; SCHMITZ, O. J.; VOGT, D. J. Biodiversity and the productivity and stability of ecosystems. **Tree**, v. 11, n. 9. 1996.

JOHNSON, R. G. Variations in diversity within benthic marine communities. **The American Naturalist**, v. 104, n. 937, p. 285-300. May - Jun. 1970.

KOHN, A. J.; LEVITEN, P. J. Effect of habitat complexity on population density and species richness in tropical intertidal predatory gastropod assemblages. **Oecologia**, v. 25, n. 3, p. 199-210. 1976.

KOMYAKOVA, V. Relative Importance of Coral Cover, Habitat Complexity and Diversity in Determining the Structure of Reef Fish Communities. Et al. **PLoS ONE**, v. 8, n. 12, e83178. doi:10.1371/journal.pone.0083178. 2013.

LANTA, V.; DOLEŽAL, J.; ZEMKOVÁ, L.; LEPŠ, J. Communities of different plant diversity respond similarly to drought stress: experimental evidence from field non-weeded and greenhouse conditions. *Naturwissenschaften*, v. 99, p. 473–482. 2012.

LAWING, A. M.; POLLY, P. D. Pleistocene climate, phylogeny, and climate envelope models: an integrative approach to better understand species' response to climate change. **PLoS ONE**, v. 6, e28554. 2011.

LEBER, K. M. The Influence of Predatory Decapods, Refuge, and Microhabitat Selection on Seagrass Communities. **Ecology**, v. 66, n. 6, p. 1951-1964. 1985.

LEHMAN, C. L.; TILMAN, D. Biodiversity, Stability, and Productivity in Competitive Communities. **The American Naturalist**, v.156, n. 5, p. 534-552. Nov. 2000.

LEITE, J. C. Do mistério das eras do gelo às mudanças climáticas abruptas. **Scientiæ studia**, São Paulo, v. 13, n. 4, p. 811-39, 2015.

LEMIEUX, J.; CUSSON, M. Effects of Habitat-Forming Species Richness, Evenness, Identity, and Abundance on Benthic Intertidal Community Establishment and Productivity. **PLoS One** v. 9, n. 10, e109261. 2014.

LISTER, A. M.; STUART, A. J. The impact of climate change on large mammal distribution and extinction: Evidence from the last glacial/interglacial transition. **C. R. Geoscience**, v. 340, p. 615-620. 2008.

LUDET, W. B.; ROCHA, L. A. Shifting seas: the impacts of Pleistocene sea-level fluctuations on the evolution of tropical marine taxa. **Journal of Biogeography**, v. 42, n 1, p. 25-38. 2015.

MAGRI, D.; PALOMBO, M. R. Early to Middle Pleistocene dynamics of plant and mammal communities in South West Europe. **Quaternary International**, v. 288, p. 63–72. 2013.

MCCLAIN, C. R.; SCHLACHER, T. A. On some hypotheses of diversity of animal life at great depths on the sea floor. **Marine Ecology**, v. 36, n 4, p. 849-872. Dec. 2015.

MCKANE, R. B.; JOHNSON, L. C.; SHAVER, G. R.; NADELHOFFER, K. J.; RASTETTER, E. B.; FRY, B.; GIBLIN, A. E.; KIELLAND, K.; KWIATKOWSKI, B. L.; LAUNDRE, J. A.; MURRAY, G. Resource-based niches provide a basis for plant species diversity and dominance in arctic tundra. **Nature**, v. 415, p. 68-71. 2002.

MÉDAIL, FRÉDÉRIC; DIADEMA, KATIA. Glacial refugia influence plant diversity patterns in the Mediterranean Basin. **Journal of Biogeography**, v. 36, n. 7, p. 1333-1345. 2009.

MITTELBACH, G. G. Et al. WHAT IS THE OBSERVED RELATIONSHIP BETWEEN SPECIES RICHNESS AND PRODUCTIVITY? **Ecology – Ecological Society of America**, v. 82, n. 9, p. 2381-2393. 2001.

MITTELBACH, G. G. Et al. Evolution and the latitudinal diversity gradient: speciation, extinction and biogeography. **Ecology Letters**, v; 10, n. 4, p. 315-331. 2007.

MONGE-NÁJERA, JULIÁN. Ecological Biogeography: a review with emphasis on conservation and the neutral model. **Gayana**, v. 72, n. 1, p. 102-112. 2008.

MORAES, B. C.; SOUZA, E. B.; RIBEIRO, J. B. M.; FERREIRA, D. B. S. Impactos das mudanças climáticas na ecoclimatologia de *Aleurocanthus woglumi* Ashby, 1903 (Hemiptera: Aleyrodidae). **Revista Brasileira de Meteorologia**, v.29, n.1, 77 – 84. 2014.

MORALES-BARBERO, J.; MARTINEZ, P. A.; FERRER-CASTÁN, D.; OLALLA-TÁRRAGA, M. Á. Quaternary refugia are associated with higher speciation rates in mammalian faunas of the Western Palaearctic. **Ecography – pattern and process in ecology**, 2017. Disponível em: <<https://dx.doi.org/10.1111/ecog.02647>>. Acessado em outubro de 2017.

MUÑOZ, J.; FELICÍSIMO, Á. M. Comparison of statistical methods commonly used in predictive modelling. **J. Veg. Sci.** v. 15, p. 285–292. 2004.

NÄGELE, KATHRIN-LISA; HAUSDORF, BERNHARD. Comparative phylogeography of land snail species in mountain refugia in the European Southern Alps. **Journal of Biogeography**, v. 42, n. 5, p. 821-832. 2015.

NEWMAN, S. P. Et al. Reef flattening effects on total richness and species responses in the Caribbean. **Journal of Animal Ecology**, v. 84, n. 6, p. 1678-1689. 2015.

OTTO-BLIESNER, B. L.; MARSHALL, S. J.; OVERPECK, J. T.; MILLER, G. H.; HU, A. Simulating Arctic Climate Warmth and Icefield Retreat in the Last Interglaciation, **Science**, v. 311, mar. 2006.

PEARSON, R.G.; DAWSON, T.P. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimatic envelopes useful? **Glob. Ecol. Biogeogr.**, v. 12, p. 361–371. 2003.

PEARSON, R. G. Et al. SPECIES: A Spatial Evaluation of Climate Impact on the Envelope of Species. **Ecological Modelling**, v. 154, p. 289–300. 2002.

PETIT, J. R. Et al. Climate and atmospheric history of the past 420,000 years from the Vostok ice core, Antarctica. **Nature**, v. 399, p. 429–436. 1999.

PETIT, J. R. Et al. Glacial Refugia: hotspots but not melting pots of genetic diversity. **Science**, v. 300, n. 1563. 2003.

PIANKA, E. R. Latitudinal gradients in species diversity: a review of concepts. **The American Naturalist**, v. 100, n. 910, 1966.

PHILLIPS, S. J. Et al. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecol. Modell.** v. 190, p. 231–259. 2006.

PLISCOFF, P.; FUENTES-CASTILLO, T. Modelación de la distribución de especies y ecosistemas en el tiempo y en el espacio: una revisión de las nuevas herramientas y enfoques disponibles. **Revista de Geografía Norte Grande**, v. 48, p. 61–79. 2011.

RANDALL, J. E. Zoogeography of shore fishes of the Indo-Pacific region. **Zool. Stud.** v. 37, p. 227–268. 1998.

RABOSKY, D. L.; HURLBERT, A. H. Species Richness at Continental Scales Is Dominated by Ecological Limits. **The American Naturalist**, v. 185, n. 5 (May 2015), p. 572-583. 2015.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2011. ISBN: 3-900051-07-0. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acessado em Abril 2015.

RICKLEFS, R. E.; JENKINS, D. G. Biogeography and ecology: towards the integration of two disciplines. **Phil. Trans. R. Soc. B**, v. 366, n. 1576, p. 2438-2448. 2011.

ROBERTS, C. M.; ORMOND, R. F. G. Habitat complexity and coral reef fish diversity and abundance on Red Sea fringing reefs. **Mar. Ecol. Prog. Ser.**, v. 41, p. 1-8. 1987.

RODRIGUES, J. F. M.; OLALLA-TÁRRAGA, M. Á.; IVERSON, J. B.; AKRE, T. S. B.; DINIZ-FILHO, J. A. F. Time and environment explain the current richness distribution of non-marine turtles worldwide. **Ecography**. doi:10.1111/ecog.02649. 2017.

ROLLAND, J.; CONDAMINE, F. L.; JIGUET, F.; MORLON, H.; Faster Speciation and Reduced Extinction in the Tropics Contribute to the Mammalian Latitudinal Diversity Gradient. **PLoS Biol** v. 12, n. 1, e1001775. 2014.

ROY, K.; JABLONSKI, D.; VALENTINE, J. W.; ROSENBERG, G. Marine latitudinal diversity gradients: Tests of causal hypotheses. **PNAS**, v. 95, n. 7, p. 3699-3702. 1998.

SAMMARCO, P. W. et al. The positive relationship between relief and species richness in mesophotic communities on offshore banks, including geographic patterns. **Environmental Geosciences**, v. 23, n. 4. 2017.

SANDEL, B. Et al. The influence of Late Quaternary climate-change velocity on species endemism. **Science**, v. 334, p. 660–664. 2011.

SBROCCO, Elizabeth J. Paleo-MARSPEC: gridded ocean climate layers for the mid-Holocene and Last Glacial Maximum. **Ecology**, v. 95, n. 1710. 2014.

SHIN, S. I.; LIU, Z.; OTTO-BLIESNER, B. L.; KUTZBACH, J. E.; VAVRUS, S. J. Southern Ocean sea-ice control of the glacial North Atlantic thermohaline circulation, **Geophysical Research Letters**, v. 30, n. 2, p. 1096. 2003.

SMITH, F. A.; LYONS, S. K. How big should a mammal be? A macroecological look at mammalian body size over space and time. **Phil. Trans. R. Soc. B**, v. 366, n. 1576, p. 2364-2378. 2011.

STANLEY, H. F. et al. Worldwide patterns of mitochondrial DNA differentiation in the harbor seal (*Phoca vitulina*). **Molecular Biology and Evolution**, v. 13, n. 2, p. 368-382. 1996.

STOCKWELL, D. R. B.; PETERSON, A. T. Effects of sample size on accuracy of species distribution models. **Ecological Modelling**, v. 148, p. 1-13. 2002.

TERRIBILE, L. C. et al. Areas of Climate Stability of Species Ranges in the Brazilian Cerrado: Disentangling Uncertainties Through Time. **Natureza & Conservação**, v. 10, n. 2, p.: 152-159. Dec. 2012.

TITTENSOR, D. P.; MORA, C.; JETZ, W.; LOTZE, H. K.; RICARD, D.; BERGHE, E.V. et al. Global patterns and predictors of marine biodiversity across taxa. **Nature**, v. 466, p. 1098–1101. 2010.

TZEDAKIS, P. C.; EMERSON, B. C.; HEWITT, G. M. Cryptic or mystic? Glacial tree refugia in northern Europe. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 28, p. 696–704. 2013.

VALENTINE, J. W.; JABLONSKI, D. A twofold role for global energy gradients in marine biodiversity trends. **Journal of Biogeography**, v. 42, n. 6, p. 997–1005. 2015.

VASCONCELOS, R. P.; HENRIQUES, S.; FRANÇA, S.; PASQUAUD, S.; CARDOSO, I.; LABORDE, M.; CABRAL, H. Global patterns and predictors of fish species richness in estuaries. **Journal of Animal Ecology**, v. 84, n. 5, p. 1331–1341. 2015.

VERMEIJ, GEERAT J. Biogeography of Recently Extinct Marine Species: Implications for Conservation. **Conservation Biology**, v. 7, n. 2, p. 391–397. 1993.

VORIS, H. K. Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. **Journal of Biogeography**, v. 27, p. 1153–1167. 2000.

WALTARI, E. Et al. Locating Pleistocene Refugia: Comparing Phylogeographic and Ecological Niche Model Predictions. **PLoS ONE**, n. 7, e563. 2007.

WERNECK, F. P.; NOGUEIRA, C.; COLLI, G. R.; SITES JR, J. W.; COSTA, G. C. Climatic stability in the Brazilian Cerrado: implications biogeographical connections of South America savannas, species richness and conservation in a biodiversity hotspot. **Journal of Biogeography**, n. 39, n. 9, p. 1695–1706. 2012.

WIENS, J. J.; GRAHAM, C. H. NICHE CONSERVATISM: Integrating Evolution, Ecology, and Conservation Biology. **Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.** v. 36, p. 519–39. 2005.

WIENS, J. J.; DONOGHUE, M. J. Historical biogeography, ecology and species richness. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 19, n. 12, p. 639–644. Dec. 2004.

WILLIG, M. R.; KAUFMAN, D. M.; STEVENS, R. D. Latitudinal gradients of biodiversity: pattern, process, scale, and synthesis. **Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics**, v. 34, p. 273–309. 2003.

WILLIS, K. J.; RUDNER, K. J.; SÜMEGI, P. The full-glacial forests of central and southeastern Europe. **Quat Res.**, v. 53, n. 2, p. 203–213. 2000.

WISZ, M. S. et al. The role of biotic interactions in shaping distributions and realised assemblages of species: implications for species distribution modelling. **Biol. Rev. Cam. Philos.**, v. 88, n. 1, p. 15–30. 2013.

WOODIN, S. A. Refuges, Disturbance, and Community Structure: A Marine Soft-Bottom Example. **Ecology**, v. 59, n. 2, p. 274–284. 1978.

WORM, B.; BARBIER, E. B.; BEAUMONT, N.; DUFFY, J. E.; FOLKE, C.; HALPERN, B. S.; JACKSON, J. B. C.; LOTZE, H. K.; MICHELI, F.; PALUMBI, S. R.;

SALA, E.; SELKOE, K. A.; STACHOWICZ, J. J.; WATSON, R. Impacts of biodiversity loss on ocean ecosystem services. **Science**, v. 213, n. 5800, p. 787-790. 2006.

ZHOU, X. Et al. Convergent evolution of marine mammals is associated with distinct substitutions in common genes. **Sci. Rep.**, 2015. Disponível em: <[https://doi:10.1038/srep16550](https://doi.org/10.1038/srep16550)>. Acessado em Abril 2017.

APÊNDICE A

Script para selecionar as variáveis menos correlacionadas

```
# abrindo e cortando camadas de variáveis para o presente
filesRaw <- stack(list.files(path=paste(currentEnvVarFolder,sep="), pattern='.tif', full.names=T))
### stack all rasters in Bioclim folder

## abrindo e cortando camadas de variáveis para o passado:
SixfilesProjectionRaw=stack(list.files(SixkyrEnvVarFolder,pattern="biogeo",full.names=T))
TonefilesProjectionRaw=stack(list.files(TonekyrEnvVarFolder,pattern="biogeo",full.names=T))

## testando as correlações das variáveis climáticas
#test<-getValues(filesRaw)
#cor.matrix <- as.data.frame(cor(test, use="complete.obs"))
#write.csv(cor.matrix,'cor_matrix.csv')

#removendo as variáveis altamente correlacionadas: Bio1,Bio3,Bio9,Bio13,Bio14
files.crop.sub <- filesRaw[[c("biogeo08_5m","biogeo11_5m","biogeo13_5m","biogeo16_5m")]]
predictors <- files.crop.sub

predictorsProjectionSix =
SixfilesProjectionRaw[[c("biogeo08_5m","biogeo11_5m","biogeo13_5m","biogeo16_5m")]]

predictorsProjectionTone =
TonefilesProjectionRaw[[c("biogeo08_5m","biogeo11_5m","biogeo13_5m","biogeo16_5m")]]
```

Script do R para rodar o Maxent

```
# install.packages("nome do pacote")
library(maptools)
library(dismo)
library(raster)

##DEFININDO PASTAS DE TRABALHO##
currentEnvVarFolder = "C:/Cecilia/modern data/" # para variáveis do presente
SixkyrEnvVarFolder = "C:/Cecilia/paleo data/6kya_CCSM" # para variáveis de 6ka
TonekyrEnvVarFolder = "C:/Cecilia/paleo data/21kya_CCSM" # para variáveis de 21ka
spOccFolder = "C:/Cecilia/especies/" # pasta com a lista de espécies
projectFolder = "C:/Cecilia/"

##### Criando objetos com a lista de espécies #####
occ.sps <- list.files(paste(spOccFolder,sep=""),pattern="csv")
splist <- unlist(lapply(occ.sps, FUN = strsplit, split=("\\.csv")))

#####MAXENT#####
for (i in 1:length(splist)){
  especie = i
  #presencas

  sp.file <- read.csv(paste(spOccFolder, splist[especie],".csv",sep=""),h=T) ### read sp
  occurrence

  sp.occ <- sp.file[,2:3]

  # extraindo dados da variavel climatica nos pontos de ocorrencia
  presclim <- extract(predictors, sp.occ, method='bilinear', buffer=NULL, fun=NULL, df=TRUE)

  # juntando dados das variaveis climaticas nos pontos de ocorrencia, coordenadas de
  ocorrencia e o vetor (coluna na tabela) para presenca/ausencia
  presclim = cbind(sp.occ,presclim)
  presencas = presclim[complete.cases(presclim),]
  presencas = data.frame(presencas,pres=1)

  # ausências

  pseudoausencia1 <- randomPoints(mask=predictors[[1]], n=1000, p=presencas,
  excludep=TRUE) #este sera usado no loop para gerar ausencias de teste, la embaixo
  pseudoausencia2 <- round(pseudoausencia1[,1:2], digits=2)
  pseudoausencia3 <- pseudoausencia2[!duplicated(pseudoausencia2),]
  pseudoausencia4 <- pseudoausencia3[complete.cases(pseudoausencia3),]
  pseudoausencia<-data.frame(pseudoausencia4)
```

```

colnames(pseudoausencia) <- c("longitude", "latitude")

# extraindo dados da variável climática nos pontos de background
ausclim <- extract(predictors, pseudoausencia, method='bilinear', buffer=NULL, fun=NULL,
df=TRUE)

# juntando dados das variáveis climáticas nos pontos de ocorrência, coordenadas de
ocorrência e o vetor (coluna na tabela) para presença/ausência
# ausclim = data.frame(ausclim, pres)
ausencias <- cbind(pseudoausencia,ausclim)
ausencias = data.frame(ausencias,pres=0)
dataSet = rbind(presencias,ausencias)
MX <- maxent(
x=dataSet[,c("biogeo08_5m","biogeo11_5m","biogeo13_5m","biogeo16_5m")],
p=dataSet$pres,
path=paste(projectFolder,"maxent/",splist[i]),
  args=c('responsecurves=true',
  'jackknife=true',
  'randomseed=true',
  'randomtestpoints=0',
  'betamultiplier=1',
  'replicates=1',
  'replicatetype=Subsample',
  'writebackgroundpredictions=true',
  'linear=true',
  'quadratic=true',
  'product=false',
  'threshold=false',
  'hinge=false',
  'maximumiterations=1000',
  'convergencethreshold=1.0E-5',
  'threads=2')) #calibrando o modelo com todos os dados de ocorrência)
rand = round(0.75*runif(nrow(presencias)))==1
eval = evaluate(p=presencias[rand,1:2],a=ausencias[rand,1:2],m=MX,x=predictors)
tre = threshold(eval,'spec_sens')

### Projeções para o presente
proj = predict(predictors,MX)
writeRaster(proj,paste(projectFolder,"projecoes/",splist[i],".asc",sep=""),overwrite=TRUE)
projbin = predict(predictors,MX)>tre

```

```

writeRaster(projbin,paste(projectFolder,"projecoes/",splist[i],"BIN.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
### Projeções para o passado
proj6 = predict(predictorsProjectionSix,MX)
writeRaster(proj6,paste(projectFolder,"projecoes/",splist[i],"6.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
projbin6 = predict(predictorsProjectionSix,MX)>tre
writeRaster(projbin6,paste(projectFolder,"projecoes/",splist[i],"6BIN.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
proj21 = predict(predictorsProjectionTone,MX)
writeRaster(proj21,paste(projectFolder,"projecoes/",splist[i],"21.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
projbin21 = predict(predictorsProjectionTone,MX)>tre
writeRaster(projbin21,paste(projectFolder,"projecoes/",splist[i],"21BIN.asc",sep=""),overwrite=TRUE)}

```

Script do R para limitar as espécies com distribuição restrita

cortando os limites para a distribuição das espécies em cada mapa binário:

```
especie = "Arctocephalus australisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus australis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus australis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus forsteriBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus forsteri6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus forsteri21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus galapagoensisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-110,-60,-20,+20)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus galapagoensis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-110,-60,-20,+20)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus galapagoensis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-110,+60,-20,+20)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus gazellaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus gazella6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus gazella21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus pusillusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus pusillus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Arctocephalus pusillus21BIN.asc"
```

```

mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Arctocephalus townsendiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
exta=extent(-180,-100,0,+68)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Arctocephalus
townsendiBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Arctocephalus townsendi6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-160,-100,0,+60)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Arctocephalus townsendi21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-160,-100,0,+60)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Arctocephalus tropicalisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-60,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Arctocephalus tropicalis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Arctocephalus tropicalis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Balaenoptera bonaerensisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)

```



```

proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Balaenoptera bonaerensis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Balaenoptera bonaerensis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Balaenoptera omuraiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(+50,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Balaenoptera omurai6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+45,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Balaenoptera omurai21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(+55,+180,-50,+40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Berardius arnuxiiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Berardius arnuxii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Berardius arnuxii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Berardius bairdiiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-90,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Berardius
bairdiiBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Berardius
bairdiiBINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Berardius bairdii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-90,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Berardius
bairdii6BINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Berardius
bairdii6BINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Berardius bairdii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
exta=extent(-180,-100,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Berardius
bairdii21BINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Berardius
bairdii21BINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Callorhinus ursinusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
exta=extent(-180,+100,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
```

```

plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Callorhinus
ursinusBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

extb=extent(+150,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Callorhinus
ursinusBINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Callorhinus ursinus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Callorhinus
ursinusBIN6A.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Callorhinus
ursinusBIN6B.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Callorhinus ursinus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Callorhinus
ursinusBIN21A.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Callorhinus
ursinusBIN21B.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Caperea marginataBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Caperea marginata6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Caperea marginata21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)

```

```
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus commersoniiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus commersonii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus commersonii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus eutropiaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep="")) # espécie ocupa so a região
oeste do Chile, mas pode ocupar a Nova Zelandia!!!!
ext=extent(-100,-50,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus eutropia6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,-50,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus eutropia21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,-50,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus heavisidiiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)# espécie ocupa so a região oeste da África, mas pode ocupar todo o hemisfério
sul!!!
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus heavisidii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus heavisidii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus hectoriBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# espécie ocupa so a região da nova zelandia, mas pode ocupar todo o hemisferio sul
ext=extent(-180,+180,-50,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus hectori6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-50,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cephalorhynchus hectori21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+100,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cystophora cristataBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Cystophora cristata6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```

especie = "Cystophora cristata21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Delphinapterus leucasBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Delphinapterus leucas6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Delphinapterus leucas21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Erignathus barbatusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Erignathus barbatus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Erignathus barbatus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eschrichtius robustusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))

```

```

ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eschrichtius robustus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eschrichtius robustus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena australisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena australis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# espécie ocupa atualmente so a região sul, mas tem condições para ocupar o hemisferio norte
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena australis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena glacialisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena glacialis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)

```

```

plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena glacialis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena japonicaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
exta=extent(-180,-100,+10,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eubalaena
japonicaBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eubalaena
japonicaBINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Eubalaena japonica6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eubalaena japonica21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Eumetopias jubatusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,+10,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eumetopias
jubatusBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eumetopias
jubatusBINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Eumetopias jubatus6BIN.asc"

```



```

mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,+10,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eumetopias
jubatusBIN6A.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eumetopias
jubatusBIN6B.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Eumetopias jubatus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,+10,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eumetopias
jubatusBIN21A.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Eumetopias
jubatusBIN21B.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

essa sp é de distribuição central:

```

especie = "Feresa attenuataBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-60,+70)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Feresa attenuata6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-50,+60)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Feresa attenuata21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Halichoerus grypusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-85,+70,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Halichoerus grypus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-85,+70,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Halichoerus grypus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-85,+70,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Histriophoca fasciataBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Histriophoca
fasciataBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Histriophoca
fasciataBINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Histriophoca fasciata6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-100,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Histriophoca
fasciata6BINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Histriophoca
fasciata6BINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Histriophoca fasciata21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-110,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Histriophoca
fasciata21BINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Histriophoca
fasciata21BINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```

especie = "Hydrodamalis gigasBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Hydrodamalis gigas6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Hydrodamalis gigas21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-180,-110,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Hydrodamalis
gigas21BINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(+100,+180,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Hydrodamalis
gigas21BINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Hydrurga leptonyxBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Hydrurga leptonyx6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Hydrurga leptonyx21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Hyperoodon ampullatusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+110,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```

writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Hyperoodon
ampullatusBIN.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Hyperoodon ampullatus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-110,+110,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Hyperoodon ampullatus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-110,+110,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Hyperoodon planifronsBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Hyperoodon planifrons6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Hyperoodon planifrons21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
## distribuição global no passado
ext=extent(-180,+180,-90,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Indopacetus pacificusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+15,+180,-60,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Indopacetus pacificus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+15,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Indopacetus pacificus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+15,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus acutusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus acutus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus acutus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+90,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus albirostrisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus albirostris6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus albirostris21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus australisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-70,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)

```

```

plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus australis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-70,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus australis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-70,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus crucigerBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus cruciger6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus cruciger21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lagenorhynchus obliquidensBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+100,+180,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Lagenorhynchus
obliquidensBINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(-180,-100,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Lagenorhynchus
obliquidensBINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Lagenorhynchus obliquidens6BIN.asc"

```

```

mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+100,+180,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Lagenorhynchus
obliquidens6BINA.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

extb=extent(-180,-100,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Lagenorhynchus
obliquidens6BINB.asc",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Lagenorhynchus obliquidens21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
### sp ocupa uma maior extensao no presente do q a 21k, ficando a maior populacao em 21k
so para o leste do pacifico
ext=extent(-180,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lagenorhynchus obscurusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lagenorhynchus obscurus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lagenorhynchus obscurus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Leptonychotes weddelliiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Leptonychotes weddellii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```

writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Leptonychotes weddellii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lissodelphis borealisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+70)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lissodelphis borealis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+70)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lissodelphis borealis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+60)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lissodelphis peroniiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lissodelphis peronii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Lissodelphis peronii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
#### distribuição bem ampla, podendo ter quase se chocado as populações do sul com o
norte!!!! mas deixe elas isoladas
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```



```

especie = "Lobodon carcinophagaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-45)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lobodon carcinophaga6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-45)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Lobodon carcinophaga21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon bidensBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
ext=extent(-100,+80,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon bidens6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+80,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon bidens21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-100,+80,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon bowdoiniBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon bowdoini6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))

```

```

ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon bowdoini21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon carlhubbsiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon carlhubbsi6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon carlhubbsi21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon grayiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon grayi6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon grayi21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon hectoriBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon hectori6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon hectori21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon layardiiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon layardii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon layardii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon peruvianusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+80,+180,-90,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Mesoplodon peruvianus6BIN.asc"
```

```

mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+80,+180,-90,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon peruvianus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+100,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mesoplodon stejnegeriBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+100,+180,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Mesoplodon
stejnegeriBINA",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(-180,-100,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Mesoplodon
stejnegeriBINB",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Mesoplodon stejnegeri6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+100,+180,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Mesoplodon
stejnegeri6BINA",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(-180,-90,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Mesoplodon
stejnegeri6BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Mesoplodon stejnegeri21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+100,+180,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Mesoplodon
stejnegeri21BINA",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(-180,-90,0,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Mesoplodon
stejnegeri21BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Mirounga angustirostrisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+90)

```

```

proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mirounga angustirostris6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mirounga angustirostris21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-150,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mirounga leoninaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mirounga leonina6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Mirounga leonina21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Monodon monocerosBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Monodon monoceros6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Monodon monoceros21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Neomonachus schauinslandiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
## so para o havai:
ext=extent(-180,-100,+10,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Neomonachus schauinslandi6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
## so para o havai:
ext=extent(-180,-100,+10,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Neomonachus schauinslandi21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
## so para o havai:
ext=extent(-180,-100,+5,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Neophoca cinereaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
# atualmente somente encontrada na australia
ext=extent(-70,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Neophoca cinerea6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-70,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Neophoca cinerea21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Odobenus rosmarusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+30,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Odobenus rosmarus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+30,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Odobenus rosmarus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+30,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Ommatophoca rossiiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Ommatophoca rossii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Ommatophoca rossii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,-40)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Orcaella brevirostrisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+25,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Orcaella brevirostris6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+10,+180,-50,+50)

```

```

proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Orcaella brevirostris21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(+25,+180,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Otaria byroniaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Otaria byronia6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Otaria byronia21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Pagophilus groenlandicusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Pagophilus groenlandicus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Pagophilus groenlandicus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+20,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```



```

especie = "Phoca vitulinaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phoca vitulina6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phoca vitulina21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocarcos hookeriBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocarcos hookeri6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocarcos hookeri21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena dioptricaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena dioptrica6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)

```

```

proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena dioptrica21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena phocoenaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena phocoena6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena phocoena21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena sinusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-150,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena sinus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-150,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Phocoena sinus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# o plot para essa camada de tempo nao encontra presença dessa sp.
ext=extent(-150,-100,0,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Phocoena spinipinnisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# sp restrita da america do sul, mas a detecção foi continua
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Phocoena spinipinnis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Phocoena spinipinnis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Phocoenoides dalliBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
# sp restrita ao pacifico, porém pode ser encontrada em outros pontos
exta=extent(+100,+180,+30,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Phocoenoides
dalliBINA",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(-180,-100,+20,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Phocoenoides
dalliBINB",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Phocoenoides dalli6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+100,+180,+30,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Phocoenoides
dalli6BINA",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(-180,-100,+30,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Phocoenoides
dalli6BINB",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Phocoenoides dalli21BIN.asc"
```

```

mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+150,+180,+30,+50)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Phocoenoides
dalli21BINA",sep=""),overwrite=TRUE)

extb=extent(-180,-100,+20,+90)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Phocoenoides
dalli21BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Pontoporia blainvilleiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# presença atual restrita ao atlantico
ext=extent(-70,+30,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Pontoporia blainvillei6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-70,+30,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Pontoporia blainvillei21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-70,+30,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Pusa hispidaBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+20,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Pusa hispida6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+20,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Pusa hispida21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,+20,+90)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)

```

```
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Sotalia guianensisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-75,+60,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Sotalia guianensis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-75,+50,-50,+50)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Sotalia guianensis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(-90,+5,+8,+40)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Sotalia
guianensis21BINA",sep=""),overwrite=TRUE)
```

nesse periodo de tempo a sp tem distribuição além do oceano atlantico, cortei uma parte dessa distribuição!!!

```
extb=extent(-60,+40,-50,+8)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Sotalia
guianensis21BINB",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Tasmacetus shepherdiiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# a sp atualmente ocupa somente a latitude abaixo de 30°S, mas tem condições de ocupar
latitudes maiores.
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Tasmacetus shepherdii6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```
especie = "Tasmacetus shepherdii21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-180,+180,-90,0)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)
```

```

especie = "Trichechus senegalensisBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
plot(mapa)
# sp dulcícola endêmica da África
ext=extent(-30,+40,-90,+30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Trichechus senegalensis6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-30,+40,-90,+30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Trichechus senegalensis21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-20,+40,-40,+10)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

```

```

especie = "Tursiops aduncusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# sp indo-pacífica
exta=extent(+25,+180,-50,+50)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncusBINA",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(-180,-100,0,+50)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncusBINB",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extc=extent(-180,-65,-50,+5)
proj_recc=crop(mapa,extc)
plot(proj_recc)
writeRaster(proj_recc,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncusBINB",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

especie = "Tursiops aduncus6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+25,+180,-50,+50)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncus6BINA",sep=""),overwrite=TRUE)

```

```

extb=extent(-180,-100,0,+50)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)

```

```

writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncus6BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

extc=extent(-180,-65,-50,+5)
proj_recc=crop(mapa,extc)
plot(proj_recc)
writeRaster(proj_recc,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncus6BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Tursiops aduncus21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
exta=extent(+25,+180,-50,+50)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncus21BINA",sep=""),overwrite=TRUE)

extb=extent(-180,-100,+5,+50)
proj_recb=crop(mapa,extb)
plot(proj_recb)
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncus21BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

extc=extent(-180,-65,-50,+5)
proj_recc=crop(mapa,extc)
plot(proj_recc)
writeRaster(proj_recc,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Tursiops
aduncus21BINB",sep=""),overwrite=TRUE)

especie = "Zalophus wolfebaekiBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-140,-60,-30,+30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Zalophus wolfebaeki6BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-140,-60,-30,+30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Zalophus wolfebaeki21BIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
ext=extent(-140,-60,-30,+30)
proj_rec=crop(mapa,ext)
plot(proj_rec)
writeRaster(proj_rec,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/",especie,sep=""),overwrite=TRUE
)

especie = "Zalophus californianusBIN.asc"
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))
# distribuicao atual somente no leste do pacifico, podendo ocupar nicho em todo o pacifico
exta=extent(-180,-97,0,+90)
proj_reca=crop(mapa,exta)
plot(proj_reca)

```

```
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Zalophus  
californianusBINA",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+60)  
proj_recb=crop(mapa,extb)  
plot(proj_recb)  
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Zalophus  
californianusBINB",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Zalophus californianus6BIN.asc"  
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))  
exta=extent(-180,-97,0,+90)  
proj_reca=crop(mapa,exta)  
plot(proj_reca)  
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Zalophus  
californianus6BINA",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+60)  
proj_recb=crop(mapa,extb)  
plot(proj_recb)  
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Zalophus  
californianus6BINB",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
especie = "Zalophus californianus21BIN.asc"  
mapa=raster(paste(projectFolder,"/projecoes/",especie,sep=""))  
exta=extent(-180,-97,0,+60)  
proj_reca=crop(mapa,exta)  
plot(proj_reca)  
writeRaster(proj_reca,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Zalophus  
californianus21BINA",sep=""),overwrite=TRUE)
```

```
extb=extent(+100,+180,0,+60)  
proj_recb=crop(mapa,extb)  
plot(proj_recb)  
writeRaster(proj_recb,paste(projectFolder,"projecoes/recortes/Zalophus  
californianus21BINB",sep=""),overwrite=TRUE)
```


Script do R para gerar os mapas binários

```
## Comandos para gerar um mapa em branco, sem dados:
mapasbinarios= "J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios"

# w<-raster(ext=extent(temp))
w<-raster()
res(w)<-c( 0.08333333, 0.08333333)
values(w)<-0
plot(w)

### Para o presente
occ.sps <- list.files(paste(mapasbinarios,"/0k",sep=""),pattern="asc")
splist <- unlist(lapply(occ.sps, FUN = strsplit, split=("\\.asc")))
for (i in 1:length(splist)){
  sp<-raster(paste("J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios/0k/", splist[i],".asc",sep=""))

  ## criando objetos raster para o presente
  gg<-resample(x=sp,y=w, method="bilinear")
  writeRaster(gg,paste("J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios/0k_ressample/",splist[i],".asc",sep=""),overwrite=TRUE)
}

### Para 6ka:
occ.sps <- list.files(paste(mapasbinarios,"/6k",sep=""),pattern="asc")
splist <- unlist(lapply(occ.sps, FUN = strsplit, split=("\\.asc")))
for (i in 1:length(splist)){
  sp<-raster(paste("J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios/6k/", splist[i],".asc",sep=""))

  ## criando objetos raster para 6ka:
  gg<-resample(x=sp,y=w, method="bilinear")
  writeRaster(gg,paste("J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios/6k_ressample/",splist[i],".asc",sep=""),overwrite=TRUE)
}

## para 21 ka:
occ.sps <- list.files(paste(mapasbinarios,"/21k",sep=""),pattern="asc")
splist <- unlist(lapply(occ.sps, FUN = strsplit, split=("\\.asc")))
for (i in 1:length(splist)){
  sp<-raster(paste("J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios/21k/", splist[i],".asc",sep=""))

  ## criando objetos raster para 21ka:
  gg<-resample(x=sp,y=w, method="bilinear")
  writeRaster(gg,paste("J:/Cecilia/projecoes/Mapas_Binarios/21k_ressample/",splist[i],".asc",sep=""),overwrite=TRUE)
}
```

Script do R para criar os mapas de riqueza e identificação de áreas de alta riqueza

```
mapasbinarios="D:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios"
library(raster)

# Riqueza para 90% de espécies
#0k
rich<-
raster(paste("D:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/0k_ressample/richMap/ric
h0k.asc"))
rich90=quantile(rich,0.90)
time0k_1=rich>rich90
plot(time0k_1)

#6k
rich6k<-
raster(paste("D:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/6k_ressample/richMap/ric
h6k.asc"))
rich90_6k=quantile(rich6k,0.90)
time6k_1=rich6k>rich90_6k
plot(time6k_1)

#21k
rich21k<-
raster(paste("D:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/21k_ressample/richMap/ri
ch21k.asc"))
rich90_21k=quantile(rich21k,0.90)
time21k_1=rich21k>rich90_21k
plot(time21k_1)
```

Script do R para identificar as áreas de refúgios

```
### Delimitação dos refúgios:  
library(raster)  
  
# somatória de todos os tempos:  
refugios <- sum(time0k_1,time6k_1,time21k_1)  
  
plot(Refugio)  
  
#acrescentar as formas dos continentes  
library(maptools)  
  
cont<-readShapePoly("C:/Users/Marlucia/Desktop/Mapas.shp/Continentes/level1.shp")  
cont=readShapePoly("E:/Cecilia/Mestrado/Mapas.shp/Continentes/level1.shp")  
plot(cont, add=T)
```

Script do R com os gráficos referentes aos fatores analisados

```
# acrescentando a produtividade:
Produtividad=raster("I:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/Productividad.asc")

# acrescentando a profundidade:
Profundidad=raster("I:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/Profundidad.asc")

# acrescentar a idade dos mamiferos marinhos
Mammals_sea_mean_divergence_time=raster("I:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/Mammals_sea_mean_divergence_time.asc")

dado_refugio<-getValues(Refugio_90)
xy.values<-xyFromCell(Refugio_90, 1:ncell(Refugio_90))
prod<-extract(Produtividad, xy.values)
prof<-extract(Profundidad, xy.values)
divergence_time<-extract(Mammals_sea_mean_divergence_time,xy.values)

tabela_analises_test<-cbind(xy.values,dado_refugio,prod,prof,divergence_time)
write.csv(tabela_analises_test,"I:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/tabela_analises_test.csv",row.names = FALSE)

#plotar os gráficos:
boxplot(prod~dado_refugio, tabela_analises_test)
boxplot(prof~dado_refugio, tabela_analises_test)
boxplot(divergence_time~dado_refugio,tabela_analises_test)
head(tabela_analises_test)

# Salvando outra tabela que apresentem áreas sem refúgio e aquelas com os refugios nos 3 tempos:

tabela_analises_test =
read.csv("I:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/tabela_analises_test.csv",header = TRUE)
tab0_3=tabela_analises_test[tabela_analises_test$dado_refugio==0 |
tabela_analises_test$dado_refugio==3,]

# Plotando os valores:
boxplot(prod~dado_refugio,data=tab0_3,names=c("não refúgio","refúgio"),ylab="produtividade")
boxplot(prof~dado_refugio,data=tab0_3,names=c("não refúgio","refúgio"),ylab="profundidade")
boxplot(divergence_time~dado_refugio,data=tab0_3,names=c("não refúgio","refúgio"),ylab="Tempo de divergência")

# ou em escala logaritma:
boxplot(log(prod)~dado_refugio,data=tab0_3,names=c("não refúgio","refúgio"),ylab="produtividade")
boxplot(log(prof)~dado_refugio,data=tab0_3,names=c("não refúgio","refúgio"),ylab="profundidade")
boxplot(log(divergence_time)~dado_refugio,data=tab0_3,names=c("não refúgio","refúgio"),ylab="Tempo de divergência")
```

Script do R para realizar o teste estatístico

```
# realizando o teste mann whitney:

prod.test=wilcox.test(dado_refugio,prod)

prof.test=wilcox.test(dado_refugio,prof)

div.test=wilcox.test(dado_refugio,divergence_time)


tab_test=data.frame(
  preditora=c("produtividade","profundidade","divergencia"),
  estatisticaW=c(prod.test$statistic,prof.test$statistic,div.test$statistic),
  pvalue=c(prod.test$p.value,prof.test$p.value,div.test$p.value))

write.table(tab_test,"I:/Cecilia/Mestrado/projecoes/Mapas_Binarios/tab_test.csv",row.names = FALSE)
```